

UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ

RONALDY FERNANDO PUZIO

EPA! TÁ RIBOSSOMANDO: UM JOGO VIRTUAL SOBRE SÍNTESE PROTEICA PARA
ALUNOS DO ENSINO MÉDIO

CURITIBA

2022

RONALDY FERNANDO PUZIO

EPA! TÁ RIBOSSOMANDO: UM JOGO VIRTUAL SOBRE SÍNTESE PROTEICA PARA
ALUNOS DO ENSINO MÉDIO

Dissertação apresentada ao curso de Pós-Graduação em Ensino de Biologia em Rede Nacional - PROFBIO, Setor de Ciências Biológicas, Universidade Federal do Paraná, como requisito parcial para obtenção do título de Mestre em Ensino de Biologia.

Área de Concentração: Ensino em Biologia Orientador:
Prof. Dr. Francisco Filipak Neto

CURITIBA

2022

DADOS INTERNACIONAIS DE CATALOGAÇÃO NA PUBLICAÇÃO (CIP)
UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ
SISTEMA DE BIBLIOTECAS – BIBLIOTECA DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

Puzio, Ronaldy Fernando

Epa! Tá ribossomando : um jogo virtual sobre síntese proteica para alunos do ensino médio / Ronaldy Fernando Puzio. – Curitiba, 2022.

1 recurso on-line : PDF.

Dissertação (mestrado profissional) - Universidade Federal do Paraná, Setor de Ciências Biológicas, Programa de Pós-Graduação em Ensino de Biologia em Rede Nacional.

Orientador: Prof. Dr. Francisco Filipak Neto.

1. Biologia (Ensino médio). 2. Jogos educativos. 3. Proteínas - Síntese. I. Filipak Neto, Francisco, 1981-. II. Universidade Federal do Paraná. Setor de Ciências Biológicas. Programa de Pós-Graduação em Ensino de Biologia em Rede Nacional. III. ProfBio. IV. Título.

Bibliotecária: Giana Mara Seniski Silva. CRB-9/1406

TERMO DE APROVAÇÃO

Os membros da Banca Examinadora designada pelo Colegiado do Programa de Pós-Graduação PROFBIO ENSINO DE BIOLOGIAEM REDE NACIONAL da Universidade Federal do Paraná foram convocados para realizar a arguição da Dissertação de Mestrado de **RONALDY FERNANDO PUZIO** intitulada: **EPA! TÁ RIBOSSOMANDO: UM JOGO VIRTUAL SOBRE SÍNTESE PROTEICA PARA ALUNOS DO ENSINO MÉDIO**, sob orientação do Prof. Dr. FRANCISCO FILIPAK NETO, que após terem inquirido o aluno e realizada a avaliação do trabalho, são de parecer pela sua APROVAÇÃO no rito de defesa.

A outorga do título de mestre está sujeita à homologação pelo colegiado, ao atendimento de todas as indicações e correções solicitadas pela banca e ao pleno atendimento das demandas regimentais do Programa de Pós-Graduação.

CURITIBA, 27 de Outubro de 2022.

Assinatura

Eletrônica

22/11/2022

14:08:35.0

FRANCISCO

FILIPAK NETO

Presidente da Banca Examinadora

Assinatura

Eletrônica

22/11/2022

16:00:27.0

CARLA

WANDERE

R

Avaliador Interno (UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ)

Assinatura

Eletrônica

22/11/2022

14:44:26.0

CIRO ALBERTO DE
OLIVEIRA RIBEIRO

Avaliador Interno (UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ)

Dedico este trabalho a minha família: Daniele Maria Bach Puzio, meus filhos Lucas e Vicente e a nossa estrelinha, minha mãe Loeli Teleginski, e em memória de Desidério Sanson Santos e Cleonice Sanson.

Instituição: Universidade Federal do Paraná

Mestrando: Ronaldy Fernando Puzio

Título do TCM: EPA! TÁ RIBOSSOMANDO: UM JOGO VIRTUAL SOBRE SÍNTESE PROTEICA PARA ALUNOS DO ENSINO MÉDIO

Data da defesa: 27/10/2022

Desde pequeno dentro de minha família aprendemos que o estudo era a única porta que poderia nos oferecer uma condição de vida mais favorável. Com determinação, minha mãe que trabalhava em cantina de escola possibilitou meu ingresso na universidade no curso de Biologia, que por sorte ou destino, ofertava a primeira turma no período noturno, permitindo que eu trabalhasse durante o dia lecionando e estudasse à noite.

Depois de formado, continuei a estudar cursando uma pós-graduação em psicopedagogia, saúde e educação do campo, além de conciliar sempre as instituições estaduais e particulares na rotina de trabalho, quando em 2019 vislumbrando que o governo estadual não ofertaria formação PDE e que estava aberto o processo seletivo para o PROFBIO, pensei “não posso ficar aguardando e se tenho a oportunidade vou avançar”. Com o apoio de minha família e apoio da minha família, participei da seleção e fui aprovado. Assim, com emoção e alegria, eu estava dando continuidade nessa caminhada de estudos, e mesmo sabendo das possíveis dificuldades, eu estava otimista. Contudo, somente com duas semanas de rotina de mestrado surgiu a notícia que abalou o mundo e ceifou muitas vidas, a pandemia do COVID-19, Todos fomos aprendendo a ter aulas e atividades remotas via telas. Solicitei então à professora Ruth que fosse minha orientadora, pedido que ela gentilmente aceitou e iniciamos a conversar sobre o trabalho. Mas com a aposentadoria da professora, solicitei que o professor Francisco Filipaki Neto fosse meu orientador, o que ele também gentilmente aceitou. Enquanto isto as exigências no trabalho eram enormes. Como professores tivemos que nos reinventar, e no mestrado não foi diferente, sexta-feira era o dia das aulas, e com o empenho e a dedicação de muitos professores fomos estabelecendo maior vínculo e uma rotina de estudos. As exigências foram muitas, seja no quesito conhecimento, seja nas aulas semanais, atividades pré e pós encontro, aplicação de sala de aula e, avaliação dos temas 1, 2 e 3. Tudo isso estando em sala com 53 horas aula semanais. Os cafés e madrugadas foram constantes, e além do apoio de familiares para seguir avançando mesmo com as perdas de amigos e pessoas próximas pelo COVID-19, e problemas de saúde pessoal. Foram dois anos muito árduos, mas eu tenho muitas histórias para contar e a dedicação e apoio me possibilitaram chegar ao fim dessa jornada PROFBIO.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente agradeço a Deus pela vida e por cuidar de mim e de minha família, permitindo que eu tenha ânimo e coragem para avançar nos desafios.

Agradeço a minha esposa Daniele Maria Bach Puzio pela paciência e apoio fornecidos durante o transcorrer desta jornada de mestrado.

Aos meus filhos Lucas e Vicente que enchem de alegria o meu viver. Agradeço ao meu sogro Atílio e minha sogra Juliana pela rede de apoio seja em momentos difíceis ou de comemoração, sempre se fazendo presentes.

Agradeço a minha Mãe Loeli por ensinar a acreditar que o estudo é o melhor caminho.

Agradeço a todos de meus ambientes escolares representados pelos seus dirigentes do Colégio Sagrada Família na pessoa da Irmã Luzia e Joceli, do Colégio Estadual Dom Alberto Gonçalves nas pessoas de Livingston Garcia e Veruska Albuquerque, do Colégio Estadual do Campo Henrique Stadler na pessoa de Deisi Delfrate Ligeski, do Colégio do Campo de Pinheiral de Baixo na pessoa de Ediclei Agostinho Barchaki Gielinski, do Colégio David Carneiro na pessoa de Rubiane Rigoni, que entendem a grandeza da educação e de valorizar os profissionais desta área.

Agradeço muito ao prof. Dr. Francisco Filipak Neto pela serenidade e paciência que teve ao me instruir e direcionar o meu trabalho e compartilhar seu conhecimentos. A professora Ruth Janice Guse Schadeck que aceitou o meu pedido para orientação e mesmo tendo o direito de aposentadoria me encaminhou com sabedoria para a orientação do professor Francisco.

Aos meus colegas do grupo 4 por serem verdadeiros amigos e proporcionarem momentos de descontração e dinamismo e cumplicidade nas atividades e aulas on-line: Alair Redede Camati, Alecksey Walewski, Leandro Francisco Thomacheski, Marcelo Aparecido Bolini e Rubens Munhoz Filho.

Agradeço em nome da coordenação de curso Dra. Mariana da Rocha Piemonte a todo o corpo docente do Profbio pelo tempo e dedicação a nossa turma que com certeza foi uma das mais desafiantes devidas as circunstâncias vividas. Em especial aos professores da banca de acompanhamento do trabalho apresentado, por suas indicações e sugestões de melhorias Dr. Ciro Alberto de Oliveira Ribeiro, Dr. Jaime Paba Martinez e Dr^a. Carla Wanderer.

A todos que direta ou indiretamente fizeram parte de mais esta formação, o meu muito obrigado. Este Trabalho de Conclusão de Mestrado (TCM) foi desenvolvido no Setor de Ciências Biológicas da Universidade Federal do Paraná, sob a orientação do Prof. Dr. Francisco Filipak Neto, e contou com o apoio financeiro da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal

de Nível Superior (CAPES) - Brasil - Código de Financiamento 001.

“Esperançar é levar adiante, esperançar é juntar-se com outros para fazer de outro modo.”

PAULO FREIRE

RESUMO

Os estudantes que nasceram a partir dos anos 2000 têm vivenciado impactos tecnológicos em diferentes áreas da vida, incluindo na educação. Há tempos, a tecnologia foi abordada por educadores como um problema em sala de aula, ocasionando a proibição do uso de aparelhos eletrônicos no ambiente escolar. Contudo, o uso adequado de dispositivos eletrônicos como os jogos e aplicativos com intuito educacional abrem possibilidades de melhor formação dos estudantes, particularmente em conteúdos abstratos ou que não são possíveis de serem visualizados em sala de aula. Em decorrência disso, este trabalho visou a produção de um jogo digital como ferramenta pedagógica para o ensino dos processos de transcrição do DNA e tradução do RNA na disciplina de Biologia para alunos do Ensino Médio, bem como uma sequência didática para aplicação pelos professores. O jogo foi desenvolvido para computador com o uso do software *Clickteam Fusion 2.5* e aborda as etapas necessárias para a síntese proteica, desde o gene até a união dos aminoácidos para síntese da proteína, de forma simplificada e ajustada para o ensino médio. Já a sequência didática proposta é composta de quatro aulas e visa estimular os estudantes a empregar os conhecimentos construídos durante o uso do jogo e de uma avaliação gamificada via *kahoot* para a solução de um problema associado à pesquisa básica e saúde humana com o levantamento de questões de cunho científico e social que poderão ser explorados pelos educadores. Este trabalho de criação de um jogo deixa consigo a possibilidade da melhor compreensão dos eventos e detalhes presentes na síntese proteica e um roteiro de aplicação que está pronto e aplicável. Espera-se que o jogo e a sequência didática forneçam ao corpo docente ferramentas ricas que permitam desenvolver aulas mais fartas em estímulos e possibilidades sobre o tema de síntese proteica, permitindo o aprendizado desse conteúdo de forma lúdica e atraente para os estudantes.

Palavras-Chave: Biologia. Síntese Proteica. Jogo. Lúdico. Ferramenta educacional.

ABSTRACT

Students who were born after the 2000s have experienced technological impulses in different areas of life, including education. For some time, technology has been approached by educators as a problem in the classroom, causing the retention of the use of electronic devices in the school environment. However, the proper use of electronic devices such as games and apps with educational intuition open possibilities for better training of students, particularly in abstract content or content that is not possible to be visualized in the classroom. As a result, this work aimed at producing a digital game as a pedagogical tool for teaching DNA transcription and RNA translation processes in Biology for high school students, as well as a didactic sequence for use by teachers. The game was developed for the computer using the Clickteam Fusion 2.5 software and addresses the necessary steps for protein synthesis, from the gene to the union of amino acids for protein synthesis, in a simplified way and adjusted for high school. The proposed didactic sequence is composed of four classes and aims to encourage students to use the knowledge built during the use of the game and a gamified evaluation via kahoot to solve a problem associated with basic research and human health by raising questions of a scientific and social nature that can be explored by educators. This work of creating a game leaves with the possibility of a better understanding of the events and details present in the protein synthesis and an application script that is ready and applicable. It is expected that the game and the didactic sequence provided the faculty with rich tools that managed to develop classes richer in stimuli and possibilities on the subject of protein synthesis, allowing the learning of this content in a playful and attractive way for students.

Keywords: Biology. Protein synthesis. Game. Ludic. Educational tool.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Representações das estruturas proteicas.....	20
Figura 2. Representação da dinâmica dos aminoácidos e proteínas.....	22
Figura 3. Estrutura química do DNA.....	23
Figura 4. Estrutura dos nucleotídeos.....	24
Figura 5. Dogma central da biologia molecular.....	25
Figura 6. Tipos de RNAs e sua função geral.....	25
Figura 7. Processo de Transcrição.....	26
Figura 8. O código genético.....	27
Figura 9. Estrutura do ribossomo.....	28
Figura 10. Processo de tradução.....	29
Figura 11. Regulação da expressão gênica em células eucariotas.....	30
Figura 12. Modificações pós-traducionais de proteínas.....	30
Figura 13. Desejáveis papéis do professor no ensino atual.....	33
Figura 14. Fluxograma da metodologia.....	37
Figura 15 – Estrutura inicial do projeto do jogo.....	38
Figura 16. Grade para programação de eventos no software <i>Clickteam Fusion 2.5</i>	39
Figura 17 – Imagens com as 7 cenas principais do jogo.....	41
Figura 18. Programação no <i>Clickteam Fusion 2.5</i>	43
Figura 19. Tela inicial do jogo: EPA! TÁ RIBOSSOMANDO.....	44
Figura 20. Cena – Laboratório.....	44
Figura 21. Revisão sobre as organelas celulares.....	45
Figura 22. Coletando aminoácidos e nucleotídeos.....	45
Figura 23. Ampliação da estrutura do núcleo ao DNA.....	46
Figura 24. Início da transcrição.....	47
Figura 25. Síntese da molécula de RNA.....	48
Figura 26. Exportação do RNA mensageiro.....	48
Figura 27. Início do processo de tradução.....	49
Figura 28. Formação das ligações peptídicas.....	50
Figura 29. Finalizando a síntese proteica.....	50
Figura 30. Tela de Game Over.....	51
Figura 31. Tela de créditos do jogo.....	51
Figura 32. Tela de instruções do jogo.....	52

Figura 33. Tela da vitória	53
Figura 34. Etapas da Sequência didática.....	54
Figura 35. Algumas questões do Kahoot	55
Figura 36. Fichas para caracterizar pacientes na atividade do roteiro dirigido	56
Figura 37. Compostos sob triagem experimental para uso em pacientes	77

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Classificação das proteínas	21
Tabela 2. Jogos, simuladores e correlatos na síntese de proteínas	35
Tabela 3. Códon para consulta	76

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

PCN	Parâmetro Curricular Nacional
BNCC	Base Nacional Comum curricular
RNA	Ácido Ribonucleico
DNA	Ácido desoxirribonucleico
AUG	Códon de início da tradução
CECIERJ	Centro de Ciências e Educação Superior a Distância do Rio de Janeiro
CAPES	Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior
UFPR	Universidade Federal do Paraná
PROFIBIO	Mestrado Profissional em Ensino de Biologia em Rede Nacional

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	16
2 REVISÃO DA LITERATURA	18
2.1 O ENSINO TRADICIONAL DA BIOLOGIA NO ENSINO MÉDIO	18
2.2 AS PROTEÍNAS.....	20
2.3 OS ÁCIDOS NUCLEICOS	22
2.3.1 A Transcrição.....	26
2.3.2 A Tradução	27
2.3.4 Regulação da expressão gênica.....	29
2.4 JOGOS DIGITAIS E O ENSINO.....	31
3 OBJETIVOS	34
3.1 OBJETIVO GERAL	34
3.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS	34
4 METODOLOGIA	35
4.1 BUSCANDO REFERÊNCIAS.....	35
4.2 PROJETO DO JOGO (GAME DESIGN).....	37
4.2.1 Definição do programa para a criação do jogo (engine)	39
4.2.2 Características do jogo	39
4.2.3 Programação	41
4.3 SEQUÊNCIA DIDÁTICA	42
5 RESULTADOS	43
5.1 O JOGO.....	43
5.1.1 Onde encontrar	53
5.2 SEQUÊNCIA DIDÁTICA	53
6 DISCUSSÃO	57
7 CONCLUSÃO	61
8 CONSIDERAÇÕES FINAIS	62
REFERÊNCIAS	63
APÊNDICES	67
APENDICE 1 – QUESTÕES DO KAHOOT	67
APENDICE 2 - ESTUDO DIRIGIDO - BIOLOGIA – SÍNTESE PROTEICA	75
APENDICE – 3	77

1 INTRODUÇÃO

Conforme estabelecido pelo Parâmetro Curricular Nacional (PCN), o ensino de Biologia durante o Ensino Médio deverá contemplar competências específicas e habilidades que possuem como premissa principal o desenvolvimento de Representações e Comunicação entre ambientes, visando desenvolver no aluno o conhecimento crítico e científico relacionado à disciplina (BRASIL, 2006). Nesse sentido, a investigação e compreensão dos fatos científicos e da metodologia empregada na geração de conhecimento tornam-se relevantes à formação acadêmica e cidadã do indivíduo, tornando-o apto a investigar e compreender fatos referentes ao ambiente no qual reside, e resolver problemas do seu cotidiano com o uso de metodologia científica (BRASIL, 2006; CHASSOT, 2003). Assim, os PCNs também expõem a importância da contextualização sócio-cultural do indivíduo no processo de aprendizagem das Ciências Naturais, em específico para a Biologia, pois interferências humanas e culturais podem tornar-se agentes de transformações físicas de determinados ambientes (BRASIL, 2006).

A Base Nacional Comum Curricular (BNCC) surgiu em âmbito nacional com o objetivo de democratizar o ensino de base e o acesso às Universidades Brasileiras, através de premissas de igualdade, diversidade e equidade no processo de ensino. No entanto, alguns contrapontos são evidentes. A BNCC apresenta diversos métodos pedagógicos para serem utilizados no processo de aprendizagem durante o Ensino Médio, como laboratórios e oficinas. Todavia, nem todas as escolas públicas possuem os componentes necessários propostos pela BNCC, dificultando a aplicação de diversas metodologias por vários professores no país (BRASIL, 2017).

O ensino de Biologia Celular e Molecular nos anos iniciais do Ensino Médio em escolas públicas do país ocorre basicamente através da utilização de livros didáticos. O laboratório de ciências é encontrado em apenas 44,1% das escolas (INEP, 2019). Esse importante espaço de aprendizagem está presente em 38,8% das escolas de ensino médio da rede pública, e em 57,2% na rede privada (INEP, 2019). Este dado expõe a escassez de ambientes adequados para o emprego de metodologias mais efetivas para o ensino de Ciências Naturais no país.

O ensino de Biologia Celular depende da visualização de estruturas microscópicas e da compreensão de processos abstratos de grande complexidade. Assim, dependendo de como esse ensino ocorre em sala de aula, pode-se induzir o estudante à mera memorização de termos e processos, sendo ineficaz no estabelecimento de habilidades duradouras (VIEIRA, 2012).

Nesse contexto, os jogos digitais são ferramentas úteis para desenvolver o raciocínio lógico, proporcionar um controle maior do aprendizado pelo estudante e melhorar a autoestima,

potencializada pelo entusiasmo e engajamento (ALVES, 2020).

Assim, o presente trabalho propõe desenvolver uma ferramenta pedagógica capaz de auxiliar o professor na disciplina de Biologia, para o ensino do processo de síntese proteica, englobando de forma generalista dois processos celulares fundamentais a todas as formas de vida conhecidas: a transcrição do DNA e a tradução do RNA.

2 REVISÃO DA LITERATURA

2.1 O ENSINO TRADICIONAL DA BIOLOGIA NO ENSINO MÉDIO

A Base Nacional Comum Curricular (BNCC) sugere um eixo de assuntos a ser seguido nas disciplinas durante o primeiro ano letivo do Ensino Médio. Contudo, ainda não é estabelecido um cronograma unificado em todas as instituições de ensino do país. Assim, durante o primeiro ano do ensino médio, a Biologia aborda diversos conceitos como as definições de vida, níveis de organização dos seres vivos, teoria celular, composição química da célula, estruturas celulares, conceitos iniciais de ecologia, entre outros (BRASIL, 2017). Em vista disso, nota-se a importância e o enfoque no ensino da Biologia Celular durante o primeiro ano do Ensino Médio. Contudo, para muitos estudantes esses conteúdos passam a ser temidos durante toda a vida escolar, por se tratar de um conteúdo complexo, com muitos detalhes e processos biológicos específicos. Assim, a compreensão da Biologia Celular é crucial para o entendimento de outros assuntos que são abordados ao longo de todo Ensino Médio (GAGLIARDI, 1985), como Histologia e a Fisiologia.

Segundo Nascimento (2016), o conhecimento sobre células é a base para a compreensão da Biologia. Precisamos entender a Biologia Celular para nos entendermos, para cuidarmos de nossa saúde e de nosso abastecimento de comida e para protegermos nossos ecossistemas ameaçados (ALBERTS *et al.*, 2014).

Considerando a complexidade de conteúdos abstratos para os estudantes, a forma de abordá-los em sala de aula tem grande influência no entendimento efetivo da Biologia Celular. No entanto, um dos principais desafios do ensino são as aulas meramente expositivas, com o estudante atuando como um sujeito passivo no processo (MESQUITA *et al.*, 2016). Em um contexto histórico, os métodos de ensino empregando somente livros didáticos ainda permanecem em muitas instituições de ensino até os tempos atuais, sem a inclusão de recursos tecnológicos disponibilizados a partir do início do século XXI (MESQUITA *et al.*, 2016).

Segundo exposto pela BNCC (2017), as competências necessárias para o ensino de Ciências da Natureza no Ensino Médio envolvem aspectos além da grade curricular do estudante, relacionados com o conhecimento científico, questões socioambientais e éticas. Isso pode ser evidenciado a seguir:

[...]“Tais competências envolvem, de maneira geral, compreensão de conceitos fundamentais das Ciências da Natureza; como proceder com uma investigação científica; saber debater questões científicas, tecnológicas e socioambientais; colaboração em sociedade; curiosidade para questionar e buscar respostas e soluções

com base em conhecimentos científicos; construção de argumentos; consciência ambiental; respeito próprio e ao outro, tomada de decisões e ação frente a questões científico-tecnológicas e socioambientais de modo ético, democrático, sustentável e solidário (BNCC, 2017).

Para o melhor entendimento da Biologia Celular, a utilização de microscópio em laboratório e de recursos tecnológicos aliados ao livro didático pode permitir um aprendizado mais significativo para as novas gerações de alunos (MACEDO *et al.*, 2017). O uso de tecnologia no ensino abre muitas possibilidades, particularmente no uso de atividades lúdicas (CANTALICE, 2002). Contudo, o professor tem um papel crucial na implementação da tecnologia como recurso pedagógico na educação.

Nas últimas décadas, a tecnologia tem permitido o acesso democrático à informação e comunicação, com disponibilidade de materiais gratuitos de excelente qualidade. Esta questão tornou-se mais notória a partir da pandemia da COVID-19, no início de 2020. Com isso, cabe aos educadores fazer uso das tecnologias obtidas ao longo das décadas para o ensino (CANTALICE, 2002). Cantalice (2002) reforça a necessidade de inserção da tecnologia como uma ferramenta educacional que possibilite ao estudante o aprofundamento do conhecimento no assunto abordado pelo professor. Para isso, a utilização de jogos educativos digitais, demonstrações lúdicas e visuais do conteúdo, bem como o acesso facilitado da troca de informações sobre o assunto estudado em classe, funcionam para desenvolver os processos de aprendizagem.

Para o ensino de Biologia no primeiro ano do Ensino Médio, a utilização da tecnologia torna-se fundamental, pois permite ao estudante reconhecer os processos referentes à Biologia Celular através da utilização de imagens, vídeos e até mesmo por intermédio da utilização de jogos digitais (LEOPOLDO, 2002). Sobre isto, os pesquisadores afirmam:

[...] o entendimento de determinados processos biológicos é dificultado, muitas vezes, por se apresentarem de forma complexa e imperceptíveis à visão humana. Pelo caráter microscópico das estruturas que estão relacionadas a processos celulares, e também pela falta de recursos e materiais para auxiliar o professor no ensino desses processos nas escolas, assuntos relacionados a estes processos configuram-se entre aqueles que mais desafiam os professores no ensino médio (FONTES *et al.*, 2013).

Logo, a didática aplicada ao ensino de Biologia precisa ser trabalhada no corpo acadêmico. Educadores precisam evidenciar a utilização da tecnologia como um recurso fundamental no processo de aprendizado do aluno, pois o aprofundamento prático do conteúdo ensinado pelo professor possibilita ao estudante um aprendizado lúdico e efetivo (CANTALICE, 2002).

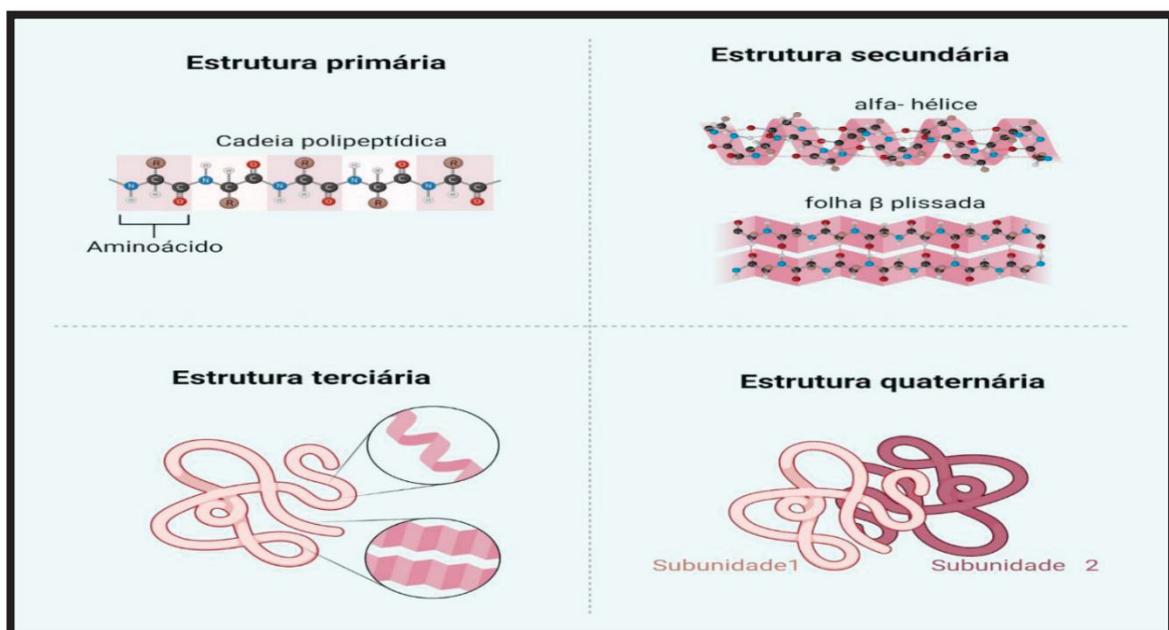
No processo de formação do estudante, a implementação de uma metodologia de

aprendizagem significativa faz-se necessária. Para isso, o envolvimento do estudante frente a problemas, busca por soluções e o desejo de experimentar novos caminhos torna-se crucial durante o processo (SOUSA, 2019).

2.2 AS PROTEÍNAS

As proteínas são polímeros de aminoácidos codificadas pelo DNA (ácido desoxirribonucleico) com grande variedade estrutural, o que confere a elas a capacidade de realizar uma infinidade de atividades biológicas. Pelo papel que desempenham, não é de se espantar que a maior parte dos compostos orgânicos das células sejam proteínas, que compreendem cerca de 50% do peso seco de uma célula, merecendo destaques para as proteínas miosina, actina, colágeno e hemoglobina, no ser humano representam quase metade do total de proteínas (ROGERO, 2013). A estrutura das proteínas parte da sequência linear de aminoácidos (estrutura primária) para arranjos regulares determinados por ligações de hidrogênio (estrutura secundária) na forma de alfa hélices ou folhas β até a estrutura tridimensional completa de uma cadeia polipeptídica (estrutura terciária) ou várias cadeias (estrutura quaternária; figura 1). Para que esses eventos de enovelamento da proteína ocorram corretamente é necessário, muitas vezes, o auxílio das chaperonas, que favorecem o dobramento das proteínas evitando sua agregação e precipitação dentro das células (ALBERTS *et al.*, 2014).

Figura 1. Representações das estruturas proteicas



A imagem apresenta as estruturas de enovelamento proteico – estrutura primária ou linear, estrutura secundária, estrutura terciária e quaternária. Fonte: adaptado de Biorender.

Existem vários critérios que permitem a classificação das proteínas sendo assim podemos contemplar as principais seguindo os dados presentes na (tabela 1).

Tabela 1. Classificação das proteínas

CRITÉRIO	TIPOS	EXEMPLOS
CONSTITUIÇÃO	SIMPLES – Apresentam somente aminoácidos.	Albuminas, Globulinas, Prolaminas, Glutelinas.
	CONJUGADAS – Apresentam aminoácidos e outros elementos.	Nucleoproteínas, Mucoproteínas, Glicoproteínas, Lipoproteínas, Fosfoproteínas, Metaloproteínas.
ESTRUTURA	FIBROSAS – Pouco solúveis e difícil desnaturação.	Queratina, Fibrina, Miosina, Colágeno.
	GLOBULARES – Solúveis e de fácil desnaturação.	Caseína, Albumina, Globulina, Hemoglobina.
VALOR NUTRICIONAL	COMPLETAS- Possuem aminoácidos essenciais em proporção necessárias ao organismo.	Ovos, Leite, Carne.
	INCOMPLETAS- apresenta deficiência em um ou vários aminoácidos essenciais.	Proteína do milho – Zeína: pobre em lisina e triptofano.
FUNÇÃO	ENZIMÁTICA	Catalase quebra da água oxigenada.
	TRANSPORTE E ESTOQUE	Transferrina – transporta ferro; Hemoglobina – transporta oxigênio
	CONTRAÇÃO MUSCULAR	Actina e miosina.
	PROTEÇÃO IMUNE	Imunoglobulina A
	GERAÇÃO E TRANSMISSÃO DE IMPULSO NERVOSO	Proteína que se liga ao glutamato
	REGULAÇÃO HORMONAL	Insulina, hormônio do crescimento, prolactina.
	EXPRESSÃO GÊNICA	Histonas associadas ao DNA.
	ESTRUTURAL	Colágeno e Elastina.

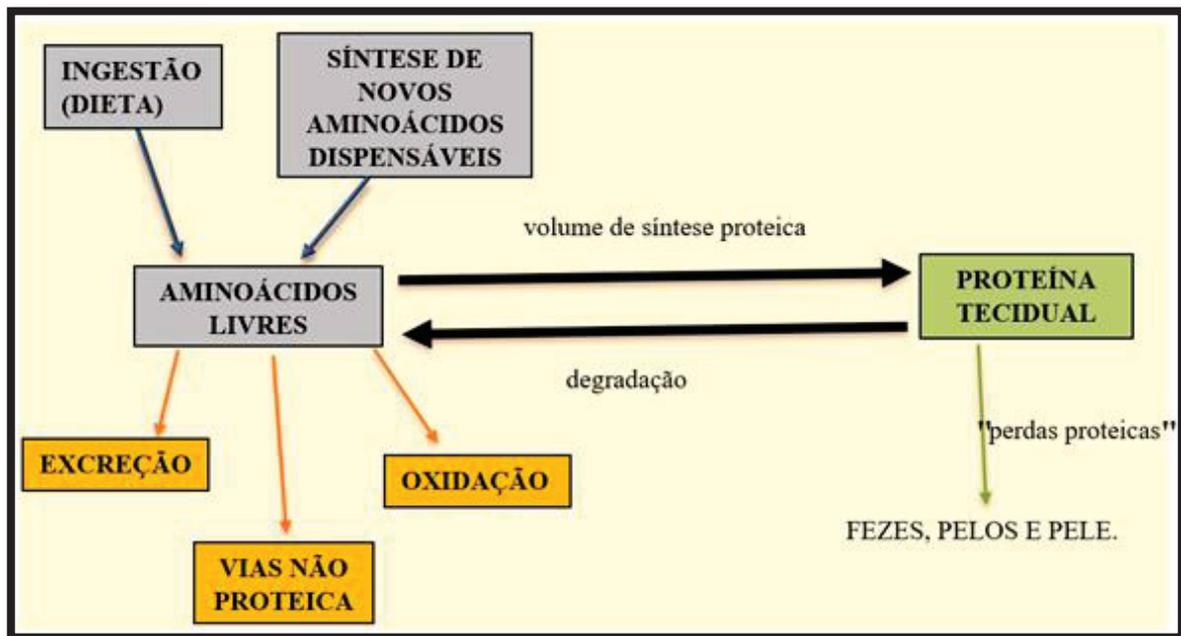
Informações obtidas em Rogero (2013). Fonte: o autor

O primeiro aminoácido descoberto foi a asparagina em 1806 e o último em 1938, sendo que existem mais de trezentos aminoácidos na natureza (ROGERO, 2013). Entretanto, somente vinte aminoácidos (Tabela 2 e Figura 2) estão presentes nas proteínas. A evolução selecionou

uma parcela de todos os tipos de aminoácidos, eles são suficientes para uma ampla versatilidade de formas e funções de proteínas, além de desempenhar outras funções, como atuação como precursores para síntese da vitamina B3 e do neurotransmissor serotonina (triptofano), e da tiroxina e epinefrina (tirosina; ROGERO, 2013). Quanto à classificação nutricional em humanos, os aminoácidos podem ser indispensáveis ou essenciais (histidina, isoleucina, leucina, lisina, metionina, fenilalanina, treonina, triptofano e valina), sendo obtidos por ingestão, já que os vegetais são capazes da síntese de todos, e os dispensáveis podem ser produzidos a partir do catabolismo de outros aminoácidos existentes (ROGERO, 2013).

No organismo dos animais não existe uma reserva de aminoácidos livres ou de proteínas, de modo que há um equilíbrio dinâmico das proteínas e aminoácidos para o nosso organismo (ROGERO, 2013).

Figura 2. Representação da dinâmica dos aminoácidos e proteínas



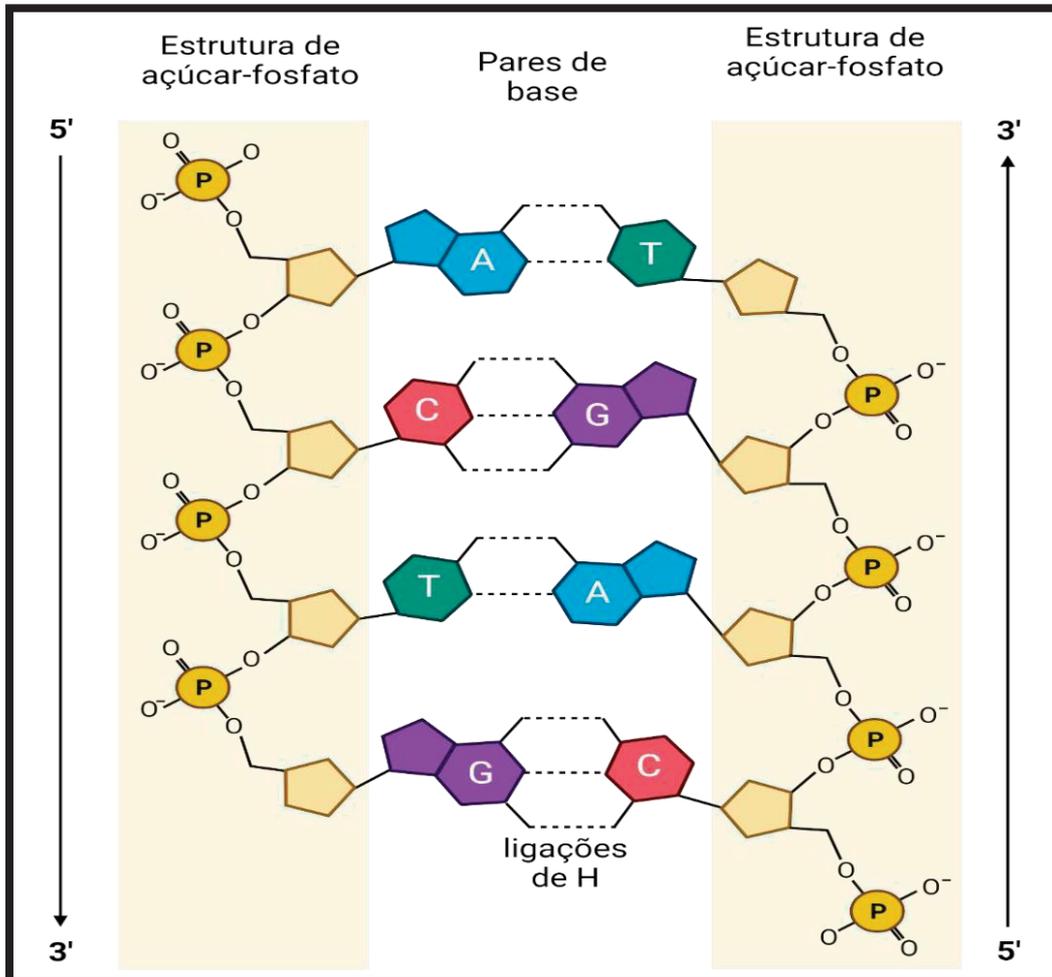
Neste esquema podemos visualizar as principais rotas dos aminoácidos no organismo humano. Fonte: Adaptado de Rogero (2013)

2.3 OS ÁCIDOS NUCLEICOS

A vida depende de informações e estas devem ser armazenadas, utilizadas e herdadas pelas células para células filhas e de geração em geração através das células germinativas. O armazenamento da informação ocorre nas moléculas de DNA, polímero formado por nucleotídeos que contêm uma das quatro bases nitrogenadas (C) citocina, (G) guanina, (T) timina e (A) adenina (ALBERTS et al., 2014). O DNA apresenta predominantemente um estrutura

em hélice retorcida formada por duas fitas antiparalelas. Essa estrutura é mantida pelo pareamento de bases no interior da molécula (figura 3).

Figura 3. Estrutura química do DNA



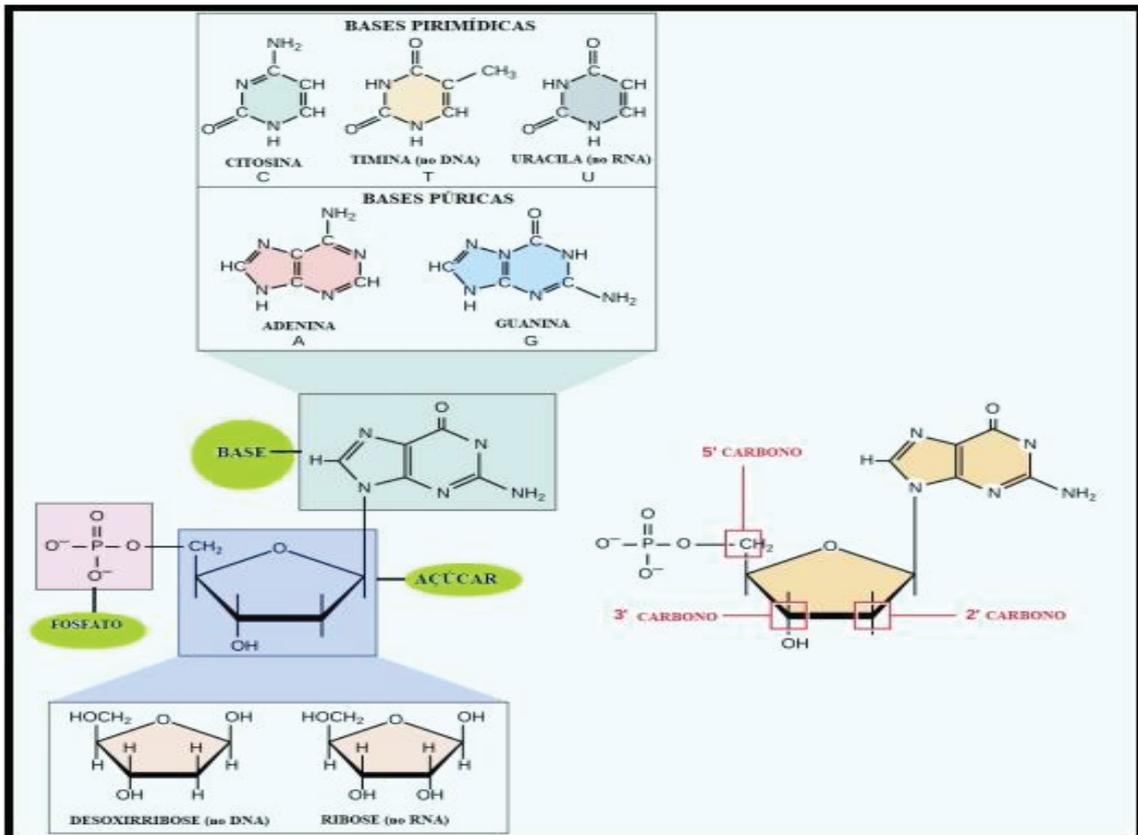
Estrutura das duas fitas de DNA, com orientações antiparalelas (sentidos 5'→3' e 3'→5'). Cada fita é mantida por ligações fosfodiéster entre os açúcares e fosfatos dos nucleotídeos, e a formação da dupla hélice decorre das ligações de hidrogênio entre as bases nitrogenadas (adenina pareia com a timina, e citosina pareia com a guanina). Fonte: O autor adaptado de Biorender

As sequências de DNA contém informações que determinam quando, onde e em que quantidade são elaborados os produtos gênicos. Porém, desde o início da compreensão da síntese proteica os investigadores acreditavam que o DNA não possibilitava diretamente a síntese de proteínas, pois nas células eucariontes o DNA é encontrado majoritariamente no núcleo, enquanto que as proteínas são sintetizadas no citoplasma, ou seja era necessária a presença de uma molécula intermediária no fluxo da informação gênica, o RNA (GRIFTS, 2016).

Apesar de DNA e RNA serem polímeros de nucleotídeos, existem diferenças entre ambos. O DNA apresenta-se na maioria das vezes dupla fita e o RNA normalmente uma fita simples; os açúcares são diferentes: desoxirribose para o DNA e ribose para o RNA; e a base

nitrogenada Timina (T) é exclusiva do DNA, sendo equivalente à Uracila (U) exclusiva do RNA (ALBERTS *et al.*, 2014; figura 4). Em termos gerais, o DNA pode ser minimamente entendido como “um conjunto de receitas” ou genes, onde um gene é definido como um segmento da sequência de DNA correspondente a uma única proteína, ou grupo de variantes proteicas alternativas, ou uma única molécula de RNA catalítica, reguladora ou estrutural (ALBERTS *et al.*, 2014).

Figura 4. Estrutura dos nucleotídeos.

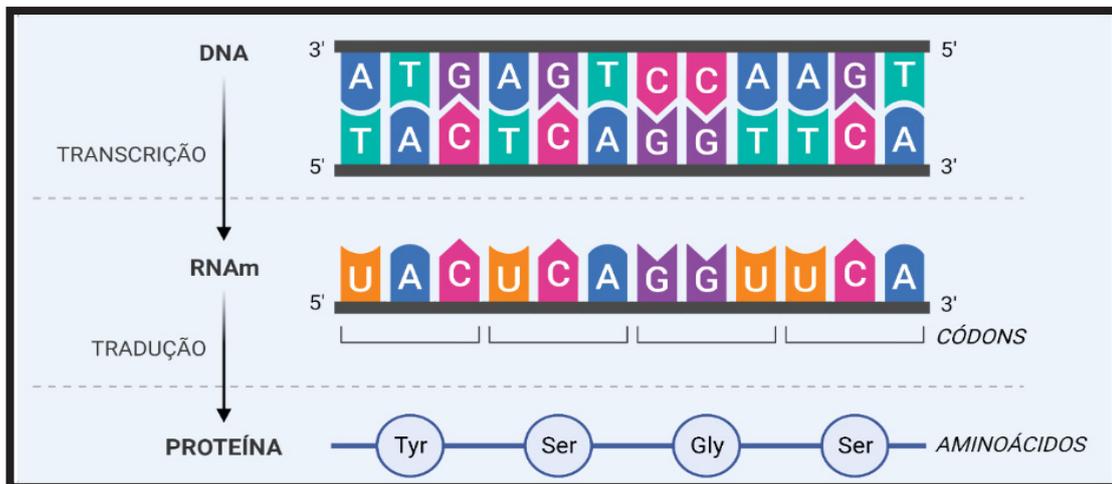


Na imagem um nucleotídeo é composto por três componentes: uma base nitrogenada, um açúcar pentose e um ou mais grupos de fosfato. Os carbonos na pentose são numerados de 1' a 5'. A base é anexada à posição de 1', e o fosfato é anexado à posição de 5'. Quando um polinucleotídeo é formado, o fosfato de 5' do nucleotídeo de entrada liga-se ao grupo hidroxila de 3' no final da cadeia. Dois tipos de pentose são encontrados em nucleotídeos, desoxirribose (encontrado no DNA) e ribose (encontrado em RNA). Desoxirribose é semelhante em estrutura para ribose, mas tem um H em vez de um OH na posição de 2'. As bases podem ser divididas em duas categorias: purínicas e pirimídicas. Purínicas têm uma estrutura de anel duplo, e pirimídicas têm um único anel. Fonte: adaptado de Opentax (2022)

Os RNAs originam-se a partir da transcrição da molécula de DNA, e o fluxo da informação gênica ocorre majoritariamente do DNA → RNAs → proteínas, conforme preconizado pelo dogma central da biologia molecular (Figura 5). A maioria dos genes presentes no DNA das células especifica a sequência de aminoácidos de proteínas; as moléculas de RNA que são copiadas a partir desses genes que produzem proteínas, são chamadas de RNA

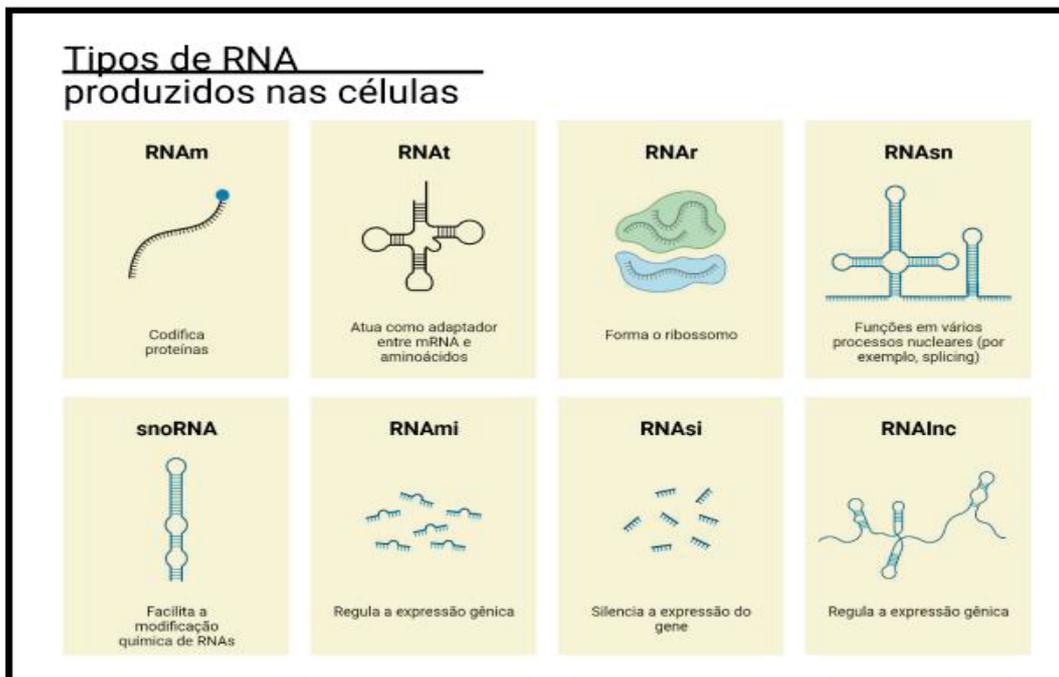
mensageiro (RNAm). O produto final de outros genes, entretanto, é a própria molécula de RNA. Esses RNAs são conhecidos como RNAs não codificadores exercendo inúmeras atividades (figura 6), algumas até agora não completamente desvendadas. (ALBERTS *et al.*, 2014).

Figura 5. Dogma central da biologia molecular



Fonte: O autor adaptado de Biorender

Figura 6. Tipos de RNAs e sua função geral

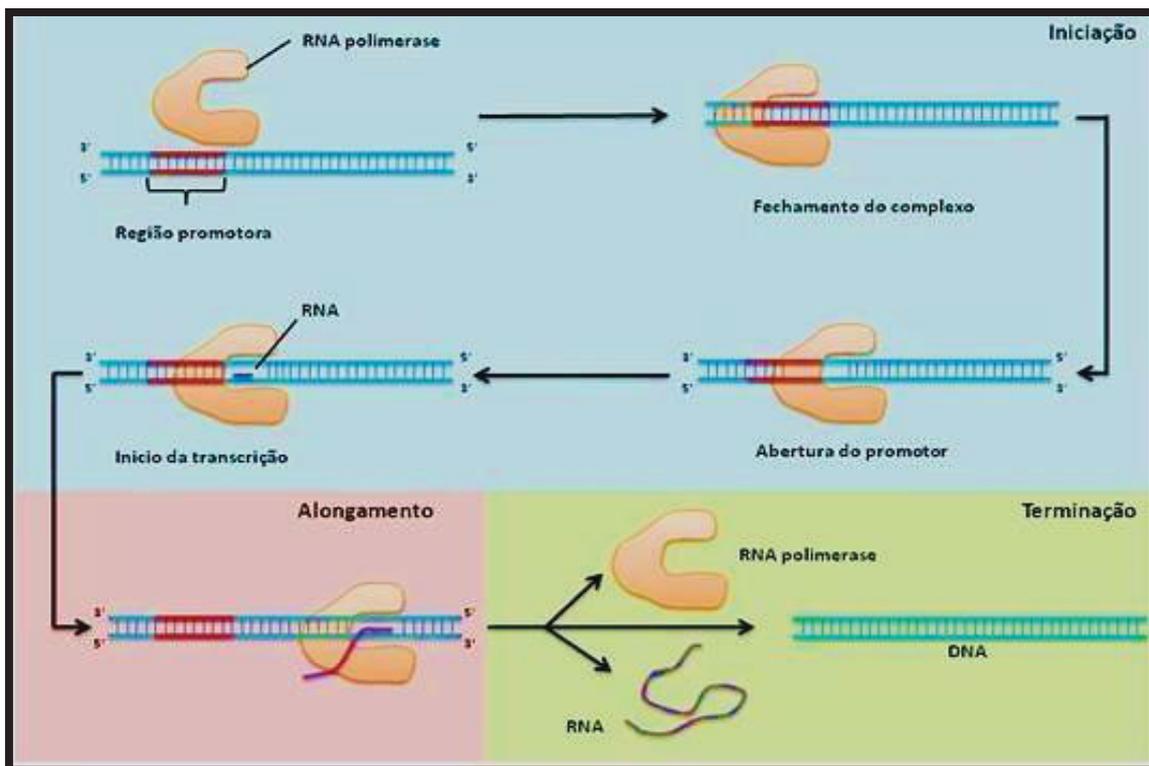


Na imagem na sequência temos – RNA mensageiro – RNA transportador – RNA ribossômico- RNA nuclear pequeno – RNA pequeno nucleolar – RNA micro – RNA pequeno de interferência – RNA não codificadores longos. Fonte: O autor criado com Biorender

2.3.1 A Transcrição

O processo de síntese de proteínas em eucariotos depende da execução sequencial de diversos processos celulares. Inicialmente, a enzima RNA polimerase II liga-se à região promotora de um gene, com o auxílio de fatores gerais de transcrição e outros fatores. Essa enzima então move-se ao longo do DNA, separando as fitas do DNA, transcreve uma das fitas na região do gene logo após o promotor, verifica e corrige eventuais erros (*proofreading*) e permite o re-anelamento do DNA logo após sua passagem. Ao final, a RNA polimerase II gera uma molécula de RNA denominada pré-RNA mensageiro, que é processado quimicamente co- e pós-transcricionalmente com adição de modificações nas extremidades 5' (CAP de 7-metilguanossina) e 3' (cauda poli-A), e remoção de íntrons e união de éxons no processo de *splicing* (figura 7), gerando uma molécula de RNA mensageiro (ALBERTS *et al.*, 2014).

Figura 7. Processo de Transcrição



Na transcrição, a enzima RNA polimerase liga-se à sequência promotora do gene no DNA e move-se ao longo do DNA sintetizando RNA com base na sequência de nucleotídeos da fita molde de DNA. Fonte: Universidade de São Paulo (2022).

2.3.2 A Tradução

O RNA mensageiro (RNAm), contendo os códons (figura 8), é transportado através de um dos complexos do poro presentes no envoltório nuclear até o citosol.

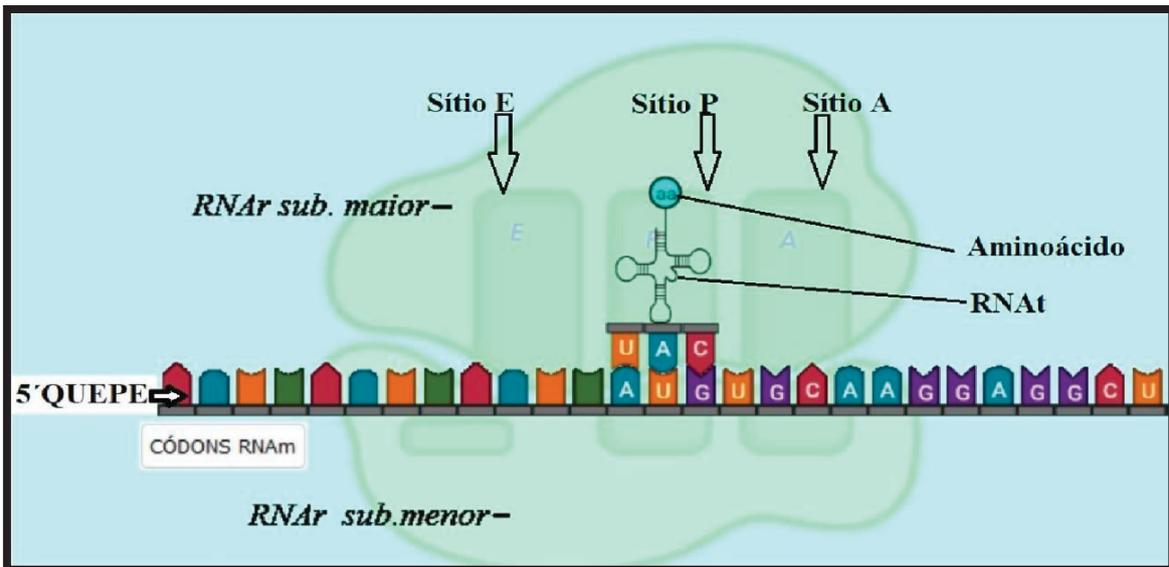
Figura 8. O código genético

	U	C	A	G	
U	UUU } Phe UUC } UUA } Leu UUG }	UCU } UCC } Ser UCA } UCG }	UAU } Tyr UAC } UAA } parar UAG }	UGU } Cys UGC } UGA } parar UGG } Trp	U C A G
C	CUU } CUC } Leu CUA } CUG }	CCU } CCC } Pro CCA } CCG }	CAU } His CAC } CAA } Gln CAG }	CGU } CGC } Arg CGA } CGG }	U C A G
A	AUU } AUC } Ile AUA } AUG } Met início	ACU } ACC } Thr ACA } ACG }	AAU } Asn AAC } AAA } Lys AAG }	AGU } Ser AGC } AGA } Arg AGG }	U C A G
G	GUU } GUC } Val GUA } GUG }	GCU } GCC } Ala GCA } GCG }	GAU } Asp GAC } GAA } Glu GAG }	GGU } GGC } Gly GGA } GGG }	U C A G

O código genético é composto por combinações das quatro bases nitrogenadas (C,G,A,U) unidas em três unidades (códon) sendo estes 64 códons o ponto de ligação evolutiva entre as proteínas e os ácidos nucleicos. O códon é denominado degenerado devido existirem mais de um códon responsável pela interação com um aminoácido. Fonte: O autor adaptado de Biorender

No citosol, a subunidade menor do ribossomo (40S), ligada a um RNA de transferência (RNAt) iniciador, carregando o aminoácido metionina, e fatores proteicos, liga-se à extremidade 5' do RNAm e movimenta-se no sentido 5'→3' até chegar no códon de início da tradução (AUG). Algumas mudanças conformacionais ocorrem e a subunidade maior do ribossomo (60S) liga-se, formando o ribossomo, que passará a mover-se no sentido 5'→3' do RNAm até um dos três códons de terminação existentes. O ribossomo apresenta 3 sítios distintos: sítio A (para ligação e seleção do RNAt com aminoácido), sítio P (ocupado por RNAt ligados ao peptídeo em formação) e sítio E (sítio de saída, ocupado por RNAt sem aminoácido ou peptídeo, ou vazio). Um RNAt ocupa sequencialmente o sítio A, P e E (figura 9), até sair do ribossomo, com exceção do RNAt iniciador que se liga diretamente no sítio P (ALBERTS *et al.*, 2014).

Figura 9. Estrutura do ribossomo.



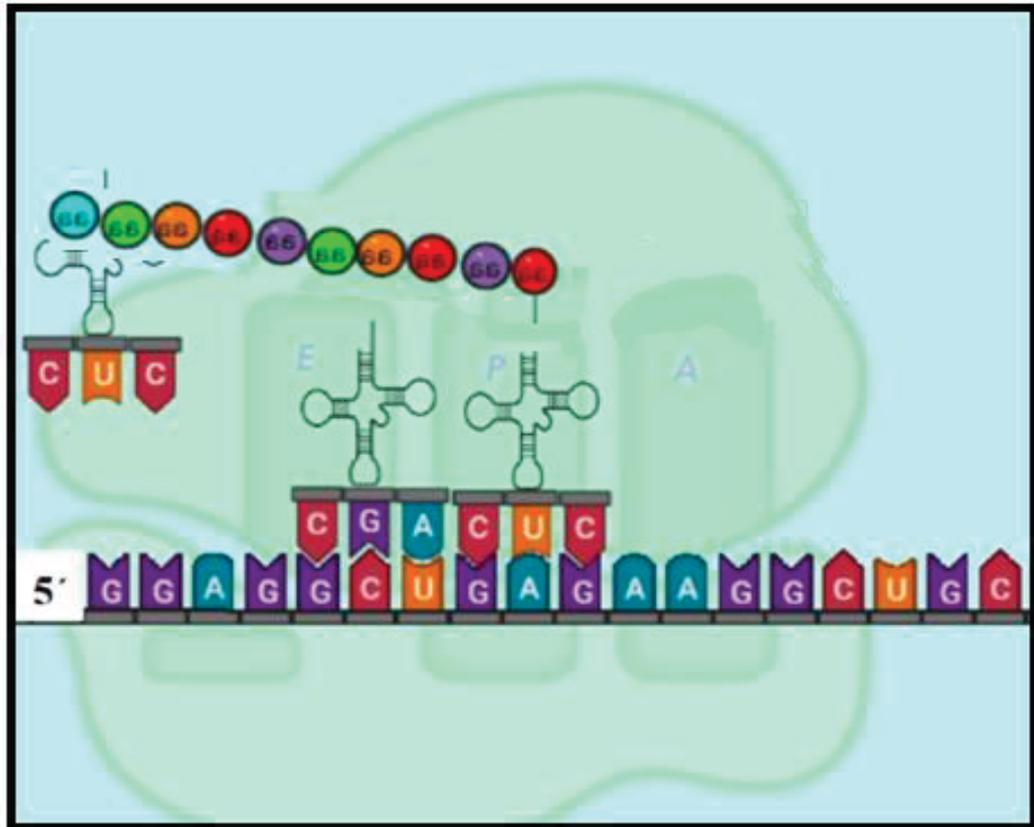
Na imagem temos a estrutura do ribossomo (subunidade maior e menor e as estruturas de sítio ativo E, P e A) unida a fita de RNA mensageiro na região de citoplasma celular. Fonte: O autor criado com Biorender.

Ao longo desse movimento, com “passos” equivalentes a um códon – (3 nucleotídeos no RNAm), RNAt carregados com aminoácidos (aminoacil-RNAt) ligam-se ao sítio A dos ribossomos e ocorre o pareamento códon (do RNAm) - anticódon (do RNAt). Se o RNAt for adequado, o aminoácido ou peptídeo ligado a um RNAt já presente no sítio P do ribossomo é transferido para esse novo RNAt no sítio A, através da formação de uma ligação peptídica, catalisada pelo próprio ribossomo, que une esse aminoácido ou peptídeo (do RNAt no sítio P) ao aminoácido carregado pelo RNAt (no sítio A).

O ribossomo desloca-se e esse RNAt com o peptídeo passa a ocupar o sítio P, de modo que o sítio A fica vazio e apto para receber um novo RNAt carregado com aminoácido. Com esse deslocamento do ribossomo, o RNAt sem aminoácido, que estava no sítio P, passa para o sítio E, e um RNAt que esteja ocupando o sítio E sai do ribossomo. Esse processo ocorre até que todos os códons da região codificante do RNAm sejam lidos e traduzidos, com ligação dos aminoácidos correspondentes para formação de uma cadeia polipeptídica (figura 10).

Ao chegar em um dos códons de terminação existentes (UAA, UAG ou UGA), a cadeia polipeptídica é liberada do RNAt e as subunidades ribossomais separam-se e são utilizadas para novo processo de tradução. Nas células, uma molécula de RNAm é traduzida por vários ribossomos que se movem no sentido 5' → 3' do RNAm a uma distância de poucos nucleotídeos uns dos outros, formando uma estrutura dinâmica denominada polissomo ou polirribossomo (ALBERTS *et al.*, 2014).

Figura 10. Processo de tradução

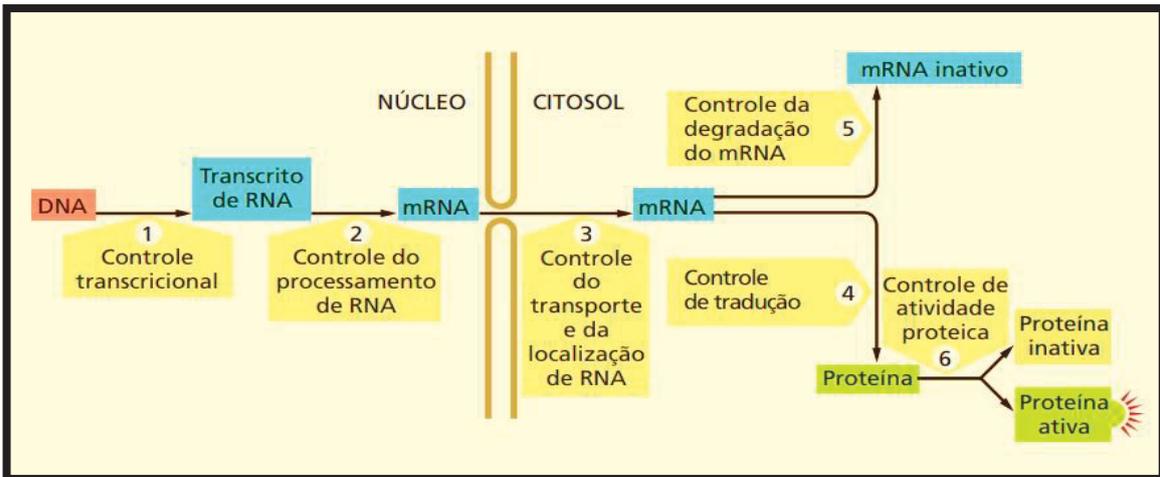


Na Figura ocorre a representação da tradução onde RNAm se acopla com os anti-códons dos RNAt e com a ação do RNAr permite as ligações peptídicas entre os aminoácidos. Fonte: o autor criado com Biorender.

2.3.4 Regulação da expressão gênica

Todas as etapas da expressão de um gene podem ser reguladas em organismos eucariotos, de modo que há seis pontos de regulação (figura 11) mais empregados pelas células (ALBERTS *et al.*, 2014), o controle transcricional que determina se um gene será ou não transcrito, o controle do processamento de RNA, o controle do transporte do núcleo para o citoplasma, o controle da localização dos RNAs, o controle da estabilidade/degradação do RNAm, o controle da tradução e o controle da atividade proteica (ALBERTS *et al.*, 2014). Desses pontos, o controle transcricional é o mais empregado, por ser o primeiro e impedir o surgimento de resíduos ou elementos intermediários que podem ser tóxicos para as células.

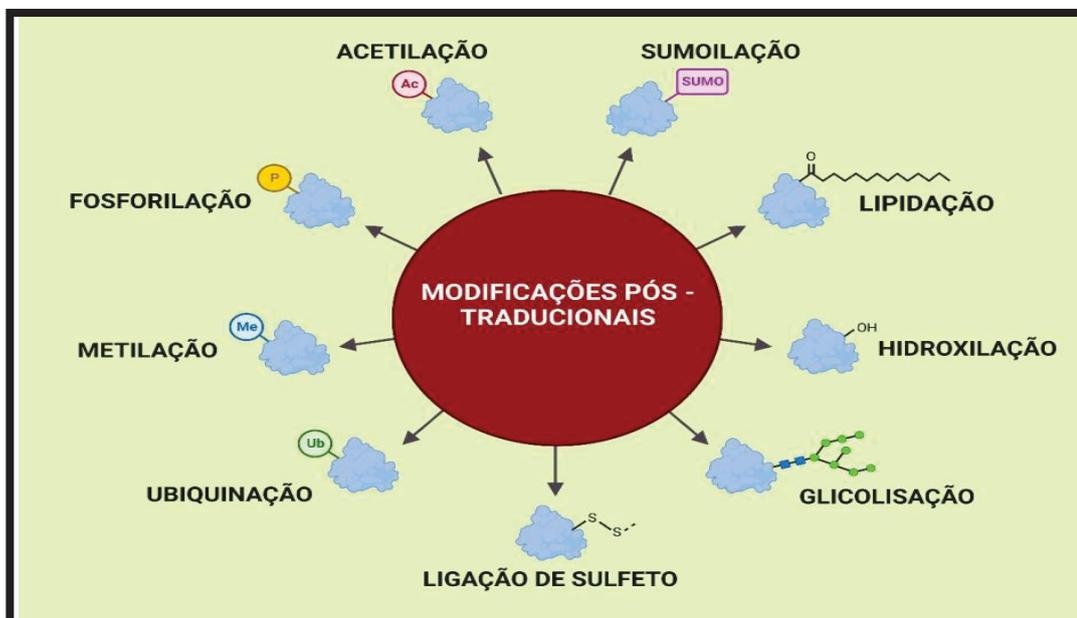
Figura 11. Regulação da expressão gênica em células eucariotas



Há seis etapas passíveis de regulação da expressão de um gene até uma proteína ativa. Fonte : ALBERTS *et al.*, (2014)

Das etapas de regulação apresentadas na figura 11 a etapa seis, que corresponde ao controle de atividade proteica, depende de modificação da estrutura proteica de forma pós-traducional para possibilitar às proteínas exercerem uma diversidade enorme de funções nos seres vivos, e ter sua atividade regulada de forma direta e rápida (figura 12).

Figura 12. Modificações pós-traducionais de proteínas



As proteínas podem ser modificadas após sua síntese estar completa. Essas modificações pós-traducionais ocorrem pela formação de ligações covalentes entre aminoácidos e grupos químicos como acetato, fosfato etc, adição de moléculas de outra natureza química como carboidratos e lipídios etc. Fonte: O autor adaptado de Biorender.

2.4 JOGOS DIGITAIS E O ENSINO

Segundo Cunha (2012), os jogos educativos são ações ativas e dinâmicas orientadas pelo professor na esfera corporal, cognitiva, afetiva e social do estudante e os jogos didáticos são jogos profundamente relacionados ao ensino de conceitos, conteúdos e atividades planejadas que mantêm uma coerência entre a função lúdica e a função educativa do jogo, sendo, em geral, realizado na sala de aula ou no laboratório.

De maneira distinta do aprendizado mecânico, que tem sido utilizado por professores durante décadas e onde o estudante limita seu esforço em apenas memorizar ou estabelecer relações diretas e superficiais com o objeto de ensino, a utilização de jogos como ferramenta pedagógica pode revolucionar a maneira de ensinar e aprender (BRASIL, 1997, p.64 apud FELIZARDO, 2020). Nesse sentido, Paulo Freire estabelece que ensinar é diferente de transferir conhecimento; ensinar é criar as possibilidades para construção de conhecimento (FREIRE, 1996). Conforme o ideário apresentado por Paulo Freire, a importância de disponibilizar autonomia no aprendizado do estudante é um fator crucial no processo de ensino-aprendizado, tendo o professor a função de mediador das informações necessárias para o processo. Observando esse cenário, os jogos eletrônicos digitais também podem ter um papel similar, oferecendo as informações necessárias para a obtenção de conhecimento e autonomia durante o processo de aprendizado. Sobre isto, Costa (2012) afirma:

Os jogos didáticos são recursos que estimulam a cognição e as relações interpessoais; conferindo não apenas o conhecimento aos estudantes e um melhor relacionamento com professor e colegas, mas também permite associar o lúdico a um sentimento de prazer (COSTA, 2012, p. 83)”

Os jogos digitais proporcionam maior interatividade aos alunos, abrindo caminho para memorização de conceitos, integração de conteúdos com questões, e criação de um ambiente amigável, que facilita a construção do conhecimento (SILVEIRA, 2015). Embora o uso de recursos tecnológicos nos ambientes escolares tenha expandido em conformidade com o aumento da produção e consumo de jogos digitais, ainda há resistência quanto ao seu uso como metodologia de auxílio ao processo de ensino aprendizagem (SÁ e SILVA, 2018). Muitas pessoas ainda enxergam nos jogos apenas como uma forma de recreação e entretenimento, não os enxergando como um recurso motivador que permite que os alunos interajam e se interessem pelo que está sendo ensinado (MARCHIORI *et al.*, 2014).

O uso da tecnologia permite que os usuários (alunos ou professores) construam objetos virtuais, simulem fenômenos em quase todos os campos de estudo, desenvolvam a capacidade

de foco e consigam formar novas relações para construir conhecimento. As escolas estão passando por um momento histórico em que a disseminação da tecnologia, e mais especificamente dos computadores no processo educacional, tem sido um catalisador de mudanças de paradigma na educação (MARCHIORI *et al.*, 2014).

Assim, o uso das Tecnologias da Informação e Comunicação (TIC) como ferramenta educacional, como os aplicativos de edição de texto, planilhas, editores de apresentação, jogos interativos etc têm o potencial de facilitar o aprendizado ativo com o desenvolvimento do aluno com base no próprio comportamento (BORGES *et al.*, 2015).

Com base no exposto, observa-se a ampliação das discussões sobre os jogos digitais em nível mundial, e no Brasil, com os desenvolvedores e pesquisadores buscando a construção de uma fundamentação para estabelecer o valor destes componentes nos ambientes escolares. Segundo dados publicados em 2014, a indústria brasileira de jogos produziu 621 jogos digitais para educação e 698 para o entretenimento, indicando assim um crescimento do mercado de jogos para a educação e conseqüentemente uma preocupação com a elaboração de produtos que contribuam para a aprendizagem dos jogadores (ALVES, 2020). Porém, a forma como a aprendizagem escolar mediada pelos jogos digitais ocorre é uma questão difícil de responder de forma objetiva (ALVES, 2020). Segundo Alves (2020), um trabalho de acompanhamento de onze anos sobre a contribuição dos jogos digitais na aprendizagem permite, com base em evidências, determinar que os jogos digitais são capazes de desenvolver o raciocínio lógico, proporcionar um controle maior do aprendizado pelo aluno e melhorar a autoestima, potencializada pelo entusiasmo e engajamento, além de contribuir no desenvolvimento de habilidades de resolução de problemas na aquisição de novos conhecimentos importantes para a formação do aluno como cidadão.

Para fundamentar a utilização de jogos digitais numa prática pedagógica baseada em evidências é preciso considerar três estruturas de apoio. Primeiro, é necessário compreender o jogo digital como um espaço criativo, e não somente uma ferramenta tecnológica, tendo esse espaço criativo o eixo para o desenvolvimento de outras habilidades e possibilidades evidenciadas em ações, mudanças de comportamento e interpretações do cotidiano (ALVES, 2020). Segundo, deve-se considerar a capacidade autônoma de buscar conhecimento na medida em que os indivíduos não só observam os eventos, mas conseguem se sentir pertencentes a eles. E terceiro, deve-se considerar a capacidade do indivíduo de sistematizar este conhecimento ao explicar o que e como ele acontece e se apresenta no jogo, possibilitando a ele contemplar e explicar esse conhecimento (ALVES, 2020).

Segundo Prensky (2022), a aprendizagem baseada em jogos digitais é motivante, não

que seja a resolução de todos os dilemas da educação, mas uma ótima alternativa, eficaz e divertida, podendo ser considerada a verdadeira revolução da aprendizagem no século XXI que rompe a barreira que separa a aprendizagem da diversão.

Na verdade, como qualquer pessoa pode observar, todo nosso sistema de ensino, que funcionou bem por séculos a fio, está entrando em colapso. A diferença mais importante talvez seja o fato de que as “coisas” a serem aprendidas – informações, conceitos, relações e assim por diante – não podem mais ser simplesmente “ditas” ou “expostas” a essas pessoas. Devem ser aprendidas por elas, por meio de perguntas, descobertas, construções, interações e, acima de tudo, diversão. Está ficando claro que uma das razões porque ainda não temos mais êxito na educação de nossas crianças e trabalhadores, apesar de não faltarem esforços de nossa parte, está no fato de estarmos trabalhando duro para educar uma nova geração com meios antigos, lançando mão de ferramentas que deixaram de ser eficazes (PRENSKY, 2022).

Nesse cenário positivo da utilização dos jogos digitais e seus benefícios pode surgir o questionamento sobre o papel dos professores. Para Prensky (2022), esse papel continua importante pois os professores guiam e facilitam a aprendizagem, sendo responsáveis por organizar e direcionar toda a experiência de aprendizagem dos estudantes (figura 13).

Figura 13. Desejáveis papéis do professor no ensino atual.



Tópicos de atributos que segundo Prensky devem ser expoentes nos docentes que atuam no presente.

Fonte: Adaptada de Prensky (2022)

3 OBJETIVOS

3.1 OBJETIVO GERAL

Desenvolver um jogo digital e uma sequência didática para aplicação deste que auxilie no aprendizado do processo de síntese de proteínas.

3.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

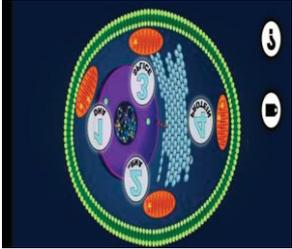
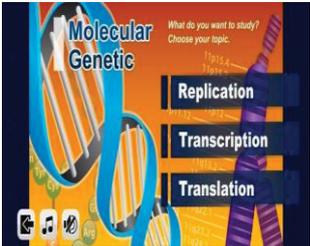
- Desenvolver um jogo digital para computador sobre os eventos que iniciam com a transcrição do gene até a formação de uma proteína pelos ribossomos;
- Propor uma forma de aplicação do jogo desenvolvido que permita o desenvolvimento de múltiplas habilidades nos estudantes, através da produção de uma sequência didática.

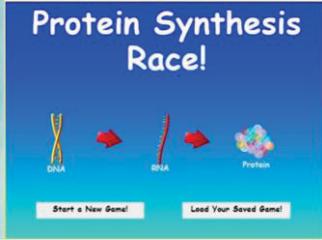
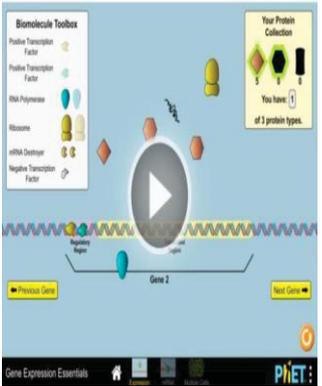
4 METODOLOGIA

4.1 BUSCANDO REFERÊNCIAS

Em consulta à literatura disponível e sites eletrônicos, observou-se a existência de alguns jogos sobre síntese proteica e conteúdos correlatos, na maioria dos achados foram de jogos de cartas e peças impressas para representar os componentes da síntese proteica, como o jogo Decifrando o código genético: aprendendo na prática como os genes se expressam (SILVA, 2020). Os jogos digitais encontrados que tratam da síntese proteica estão descritos na tabela 2.

Tabela 2. Jogos, simuladores e correlatos na síntese de proteínas

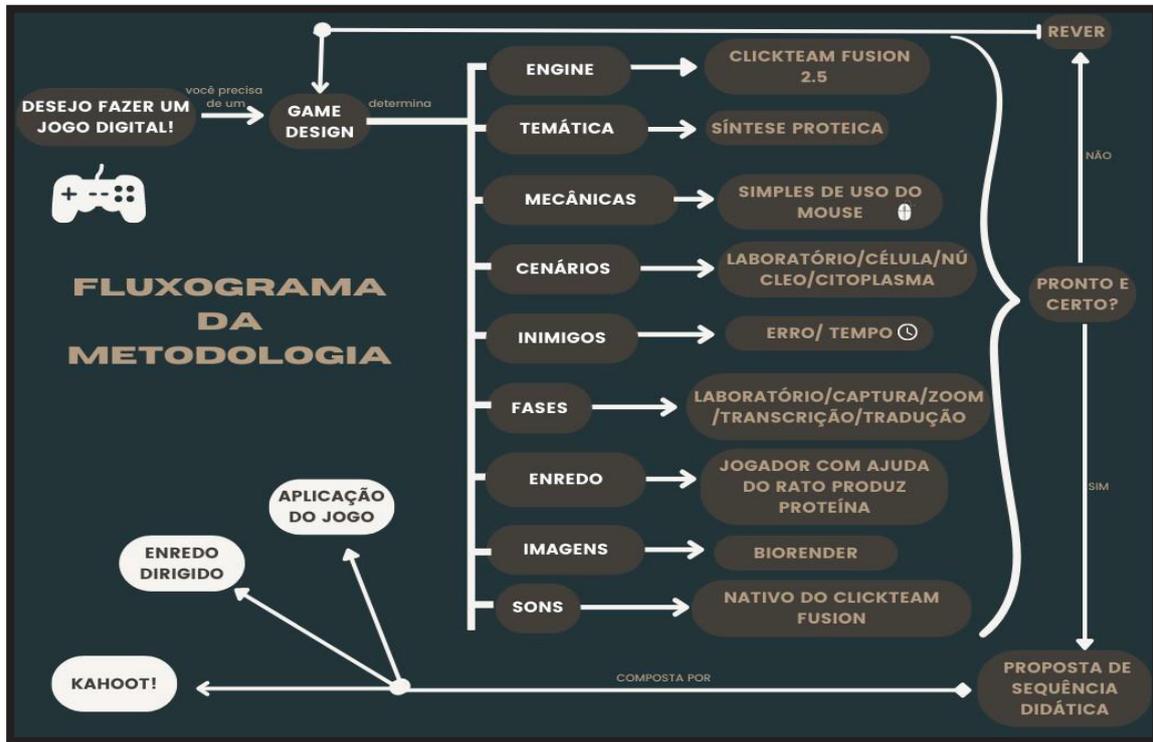
Nome do jogo	Imagem representativa	Características gerais
AMIGOÁCIDOS	<p>Fonte: VITÓRIA <i>et al.</i>, 2018</p> 	<p>Jogo de digitar códon para aparecer uma figura animada de um animal representando um aminoácido. Esteve disponível somente no Scratch até a data de 20/09/2022.</p>
DNA MUTATIONS.	 <p>Fonte: FROZAX, 2022</p>	<p>Jogo de quebra-cabeça retrô científico sobre DNA no qual deve-se encontrar as mutações a serem aplicadas para obter o DNA correto. O jogo exige compreensão da complementariedade das bases nitrogenadas.</p>
DNA Decoder	<p>Fonte: MY KID IS AN ALLIEN, 2022.</p> 	<p>O aplicativo apresentará gráficos e som com qualidade e uma boa dinâmica na interação, com alguns pontos a serem observados como a referência de localização e da ação enzimática pouco expressiva e da dificuldade de jogabilidade na etapa de tradução. Traz como diferencial o destaque para a localização de genes com promotores e a realização do <i>splicing</i>, sendo um pouco repetitivo nas ações.</p>
Molecular Genetic	<p>Fonte: FIRST CLASS</p> 	<p>Pequeno simulador dos processos de replicação, transcrição e tradução merecendo destaque para o evento de tradução que apresenta uma boa interação. Os demais eventos são bem resumidos não deixando claro localizações e ações a serem realizadas, assim como lentidão extrema nas ações e ausência de sons.</p>

	STANDING, 2022.	
Protein Synthesis Race	 <p>Fonte: BIOMAN (2022)</p>	O aplicativo que apresenta-se como um simulador da dinâmica da síntese de proteína com uma boa interação. Porém peca no quesito apresentação e dimensão das estruturas para a interação.
Fundamentos da Expressão Genética	 <p>Fonte: PHET (2022)</p>	Fundado em 2002 pelo Prêmio Nobel Carl Wieman, o projeto PhET Simulações Interativas da Universidade do Colorado em Boulder cria simulações interativas gratuitas de matemática e ciências. Uma das pioneiras neste campo traz essa simulação que permite uma observação dos eventos de transcrição e tradução com eventos fluidos e bem estruturados. Porém há falhas na orientação da localização dos eventos e não possibilita o avanço da estrutura molecular envolvida.

Nesta tabela visualizamos os jogos digitais existentes sobre síntese proteica e sua avaliação feita pelo autor.

Tendo o cenário de disponibilidades e as carências sobre os jogos digitais do tema síntese proteica em mãos compreendeu-se a necessidade de estabelecer um planejamento da metodologia a ser desenvolvida, sendo para a criação do jogo realizar uma sequência de passos e etapas a serem seguidas para a conclusão do mesmo, iniciando com o projeto do jogo (*game design*) que pode ser dividido em etapas como escolha do programa desenvolvedor (engine), o tema e como ele se desenvolve e acompanhado de suas dinâmicas seja das mecânicas para perceber de que maneira o jogador e o jogo interagem como os inimigos e enredo assim como as imagens e sons a serem utilizados. Com essa etapa pronta a proposta de uma sequência didática ser elaborada em três etapas sendo elas a de aplicação do jogo, um questionário (kahoot) e um enredo dirigido que consiga abranger a síntese proteica e sua importância seja para o indivíduo e para toda a sociedade. A figura 14 resume as etapas seguidas para o desenvolvimento do presente trabalho.

Figura 14. Fluxograma da metodologia



Fonte: o autor

4.2 PROJETO DO JOGO (GAME DESIGN)

No início do desenvolvimento deste trabalho surgiu a necessidade de estabelecer o caminho para a criação do jogo que é o Game design (Figura 15) sendo um documento contendo as informações relevantes de um jogo: temática, mecânicas, plataformas, inimigos, níveis entre outros. Esse documento norteou o desenvolvimento do jogo com as características necessárias para retratar com boa fidelidade o processo de síntese proteica em seu aspecto geral, destinado a estudantes de 1º ano de Ensino Médio, sendo este planejamento, apesar de simples, fundamental para as ramificações que se desenvolveram para a realização de um jogo que contemplasse a síntese de proteína do atual jogo: Epa! Tá ribossomomando.

Figura 15 – Estrutura inicial do projeto do jogo.

Game Design Document

- Rascunho de conceito do Jogo (Semelhante ao cellcraft)
- Nome do Jogo: Sintetizando as proteínas: a ação celular.
- Descrição e Objetivos: É um jogo onde o indivíduo observa o cenário e seguindo as orientações do narrador vai investigando possibilidades de ações que resultem na produção de proteína para satisfazer a exigência de seres extraterrestres que ameaçam roubar nosso Sol.
- Proposta do Jogo: O jogo tem como proposta criar um ambiente investigativo onde para resolver o problema (produzir a proteína) o jogador sinte-se motivado a buscar respostas fazendo atividades ou experimentações e observando possíveis resultados e obtendo suas conclusões de como ganhar o jogo.
- Público alvo: Estudantes de nível médio de ensino com idade entre 13 e 18 anos.
- Mecânica do Jogo: Apresenta dinâmica distinta em cada etapa do jogo seguindo a ideia do processo de síntese proteica que ocorre na célula.
 - 1ª Etapa Geral: levar a célula a coletar nucleotídeos.
 - 2ª Etapa Geral: Usar os nucleotídeos para formar um RNA usando o DNA como molde.
 - 3ª Etapa Geral: Construção da Proteína: Seguindo os códons do RNAm realizar o acoplamento do RNAt, fazendo com que a proteína seja sintetizada pelo ribossomo.
- Tema e ambientação:
 - Laboratório: local onde o jogador recebe a Missão de produzir proteínas.
 - Microscópio: objeto que possibilita visualizar a célula e possibilita capturar substância (boas e ruins) e deve capturar nucleotídeos.
 - Núcleo: local onde deverá ocorrer o processo de transcrição.
 - Citoplasma: local onde, após etapas anteriores realizadas com sucesso, o evento da tradução ocorrerá produzindo a proteína e cumprindo a missão.

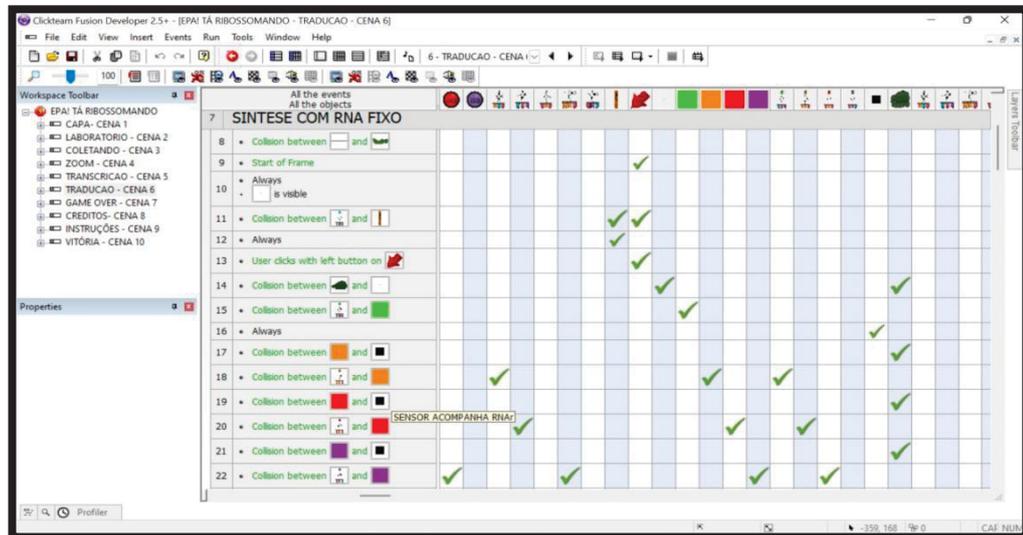
O jogo será em 1ª pessoa sendo *single player* e desenvolvido na engine Clickteam Fusion.

Na figura temos o delineamento do desenvolvimento do jogo – Fonte: o autor.

4.2.1 Definição do programa para a criação do jogo (engine)

Engine é uma palavra que significa motor, sendo esta uma estrutura de programas capaz de associar os diversos recursos necessários para a criação de um jogo em um único local. A engine escolhida foi o *Clickteam Fusion 2.5*. Esse software possibilita a criação de simuladores, jogos, aplicativos e outros tipos de softwares, com o mínimo ou nenhum domínio de linguagem de programação, pois os algoritmos são gerados a partir da aplicação de lógica e interação entre os objetos (Figura 16).

Figura 16. Grade para programação de eventos no software *Clickteam Fusion 2.5*



Nessa grade, os eventos são programados sem a necessidade de escrita de códigos. Fonte: O autor.

4.2.2 Características do jogo

O jogo se apresenta em dez cenas, sendo sete principais nas quais se desenvolve o jogo (Figura 17) e mais tela de instruções, créditos e ampliação, sendo a princípio para um jogador e para computador.

O tema selecionado foi a síntese proteica, com representação generalista dos processos presentes no Dogma central da Biologia Celular, a transcrição do DNA e a tradução do RNA. Para ser mais abrangente com o público desejado e não criar entraves para sua utilização do jogo, empregou-se uma mecânica simples para interação com os objetos a partir do uso de *mouse* no computador.

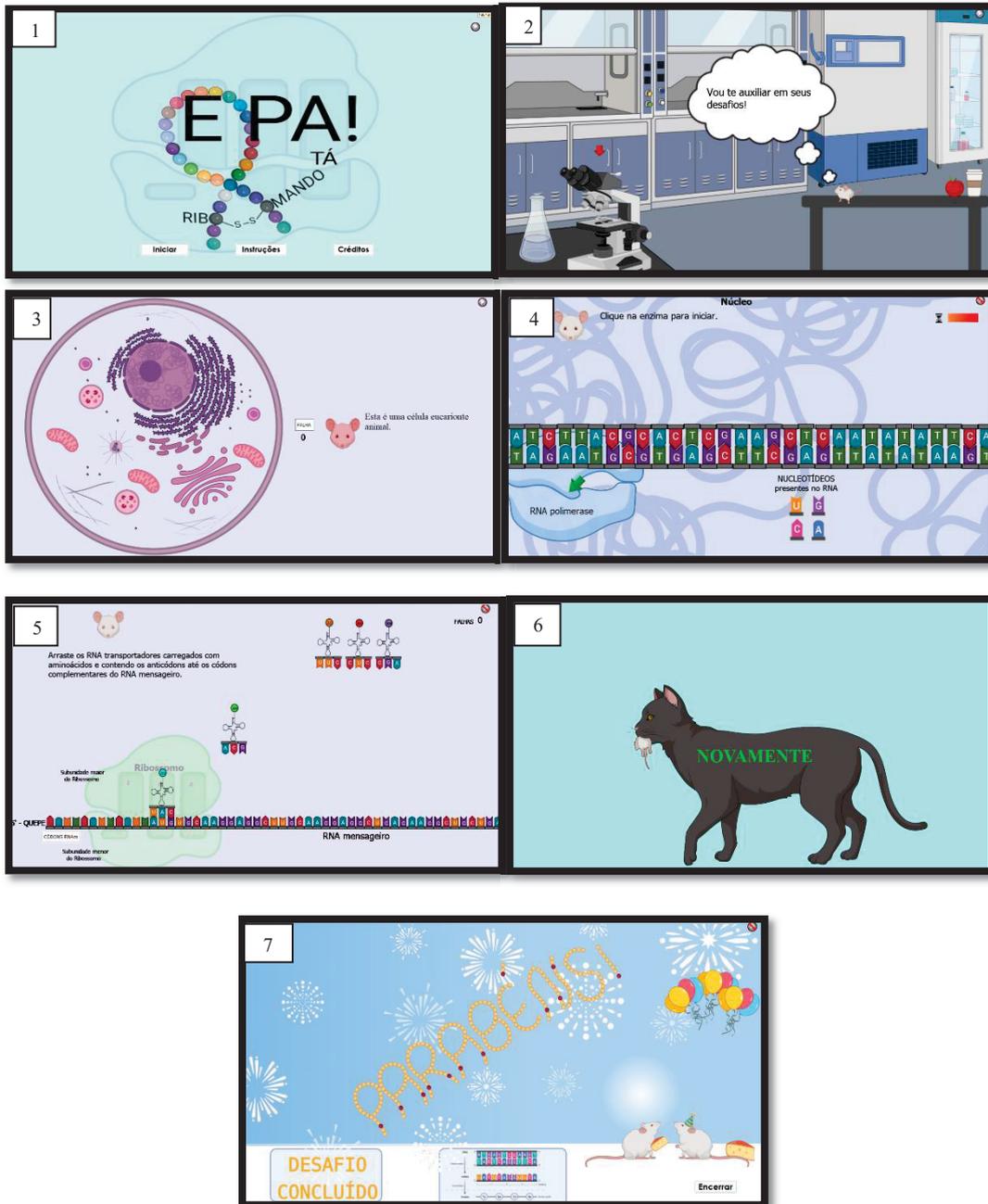
Com a escolha do tema, os cenários foram definidos visando uma imersão do usuário no mundo molecular da síntese de proteínas. Já na tela inicial, há uma imagem de um RNA

ribossômico e seus sítios A, P e E, um peptídeo que apresenta pontes dissulfeto que são utilizadas para formar os “ss” da palavra ribossomando criando assim o título do jogo: EPA! TÁ RIBOSSOMANDO. Também estão presentes o botão Iniciar para começar o jogo, assim como os botões Instruções e Créditos direcionando a quadros específicos com esses dados.

Ao iniciar o jogo, o cenário LABORATÓRIO mostra ao jogador o personagem TAC que é um ratinho de laboratório, este apresenta o seu desafio de produzir proteína. Já no segundo é apresentado uma célula eucarionte e suas estruturas gerais, e as estruturas de monômeros disponíveis para a síntese. O terceiro quadro apresenta um ZOOM destinado a ampliar as estruturas visualizadas. O quarto quadro representa o ambiente de um núcleo celular e de estruturas da dupla fita de DNA e nucleotídeos livres, assim como a enzima RNA polimerase para que ocorra a interação do processo com as falas de orientação do TAC. No quinto cenário ocorre a representante da tradução no citoplasma com o emprego do RNA mensageiro, RNA ribossômico, RNA transportador e aminoácidos, assim como as orientações do TAC. E como último cenário a comemoração pelo desafio concluído. Existindo ainda o quadro GAME OVER com a imagem de um gato com o TAC em sua boca e a mensagem indicando para tentar novamente.

Os desafios presentes no jogo são as interações em cada cenário, que caso incorretas ocasionam perda de pontos e eventualmente o “game over”. No LABORATÓRIO deve aceitar o desafio. Em seguida, deverá indicar as estruturas celulares corretas (organelas e outras estruturas), coletar aminoácidos e nucleotídeos da corrente sanguínea, sem coletar os símbolos de tóxico, e então auxiliar a RNA polimerase a transcrever um segmento do DNA, para por fim, auxiliar o ribossomo no processo de tradução. As imagens empregadas no desenvolvimento do jogo foram obtidas do site Biorender, com modificações e criações feitas nele ou no Clickteam Fusion 2.5, e os sons do próprio acervo do Clickteam Fusion.

Figura 17 – Imagens com as 7 cenas principais do jogo.



No número 1 a capa de abertura do jogo. 2 no laboratório. 3 estrutura da célula eucariote animal. 4 no núcleo a transcrição do DNA. 5 no citoplasma a tradução do RNA. 6 tela de game over. 7 tela de vitória do jogo.

Fonte: o autor.

4.2.3 Programação

A programação foi pensada para ser realizada após as atividades do *Game design* executada. A programação no ClickTeam Fusion 2.5, como já citado, emprega lógica de interação com os objetos, precisando esse movimento ser revisto constantemente, desde o início da criação do jogo até a apresentação do EPA! TÁ RIBOSSOMANDO

4.3 SEQUÊNCIA DIDÁTICA

A sequência didática foi pensada para estabelecer um documento didático para a aplicação do jogo. Para tanto, foram pensados 3 momentos específicos: 1) Aplicação do jogo EPA! TÁRIBOSSOMANDO; 2) o desenvolvimento de um enredo dirigido para utilizar os dados e informações presentes no jogo e possibilitar aos estudantes a busca de alternativas para resolver ou trazer a discussão o assunto tratado; e 3) a síntese do conteúdo abordado e avaliação com a utilização da plataforma de perguntas gameficada *Kahoot*, que já tem sido bastante, particularmente durante o período da pandemia.

5 RESULTADOS

5.1 O JOGO

A execução das programações foi o procedimento mais complexo para a criação do jogo (figura 16). Foram mais de 400 linhas de programação, sendo algumas relativamente simples, mas outras mais aprimoradas, com o uso de “sensores”, ocultos no jogo, que permitem que os objetos respondam corretamente as ações.

Figura 18. Programação no Clickteam Fusion 2.5

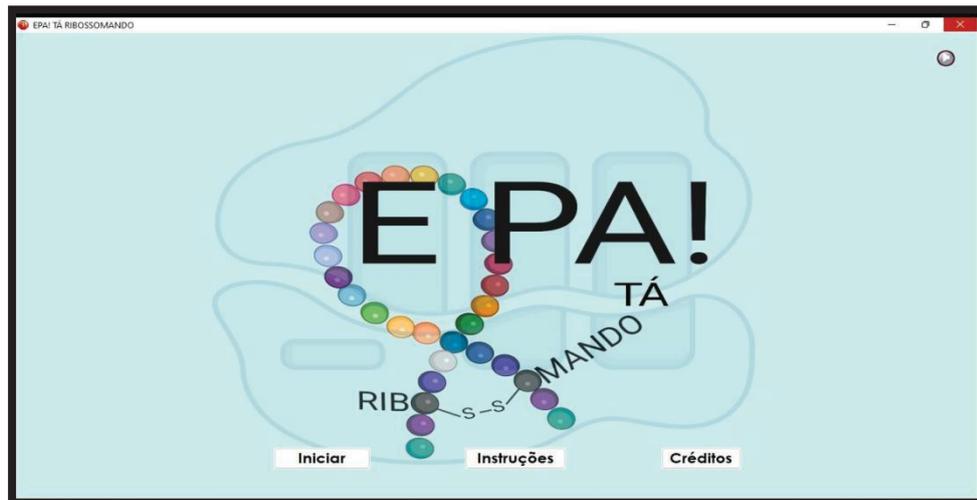


A figura exemplifica algumas linhas de programação empregadas para possibilitar as interações necessárias para a execução do processo de transcrição. Fonte: o autor

O jogo EPA! TÁ RIBOSSOMANDO ficou organizado por quadros ou cenas: Tela inicial – cena 1, Laboratório – cena 2, Coletando – cena 3, Zoom – cena 4, Transcrição – cena 5, Tradução – cena 6, Game over – cena 7, Créditos – cena 8, Instruções – cena 9, e Vitória – cena 10.

Na tela inicial (cena 1), o jogo mostra a estrutura do ribossomo, um peptídeo e o título do jogo, além dos botões iniciar, instruções e créditos, com o intuito de ir estabelecendo vínculo com as estruturas celulares envolvidas na síntese de proteínas e seu funcionamento (figura 17).

Figura 19. Tela inicial do jogo: EPA! TÁ RIBOSSOMANDO



Fonte: o autor

No Laboratório (cena 2), o jogador se depara com um ambiente representativo de um laboratório com equipamentos e sobre uma mesa um ratinho de nome TAC que informa que vai auxiliar nos desafios e solicita para clicar no microscópio, já localizando o jogador que o ambiente que se passa os eventos é o ambiente microscópico (figura 18).

Figura 20. Cena – Laboratório



Fonte: O autor

Na cena 3 “Coletando” o ratinho TAC continua o diálogo e informa que a imagem representa uma célula eucarionte que depende da atividade de diversas moléculas para se manter viva, como os ácidos nucleicos e as proteínas, e que objetivo do jogador é ajudar a célula a produzir proteínas. Contudo, antes disso TAC informa que é necessário fazer uma revisão das organelas celulares clicando nas figuras que representam as estruturas solicitadas (figura 19),

sendo a sequência de representações a serem clicadas: mitocôndria, retículo endoplasmático rugoso, centríolo, lisossomo, peroxissomo, retículo endoplasmático liso e complexo de Golgi.

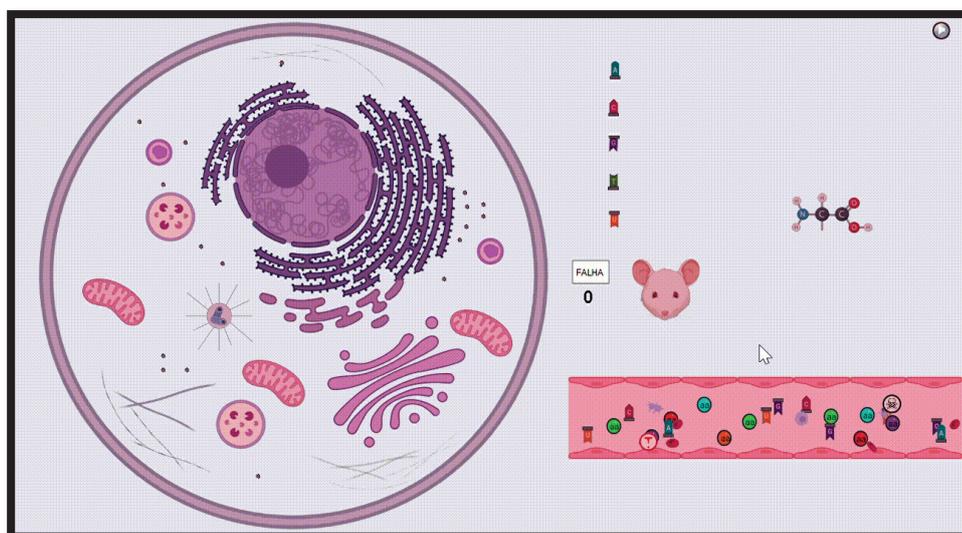
Figura 21. Revisão sobre as organelas celulares.



Fonte: o autor

Na sequência, o jogador deve coletar aminoácidos e nucleotídeos (figura 20) para o realização da síntese do RNA e das proteínas, clicando nas moléculas que se movem dentro de um vaso sanguíneo, mas evitando os agentes que indicam risco biológico, irritante ou morte. Se o jogador clicar nesses agentes mais de quatro vezes, ele é direcionado para a tela de “Game over”.

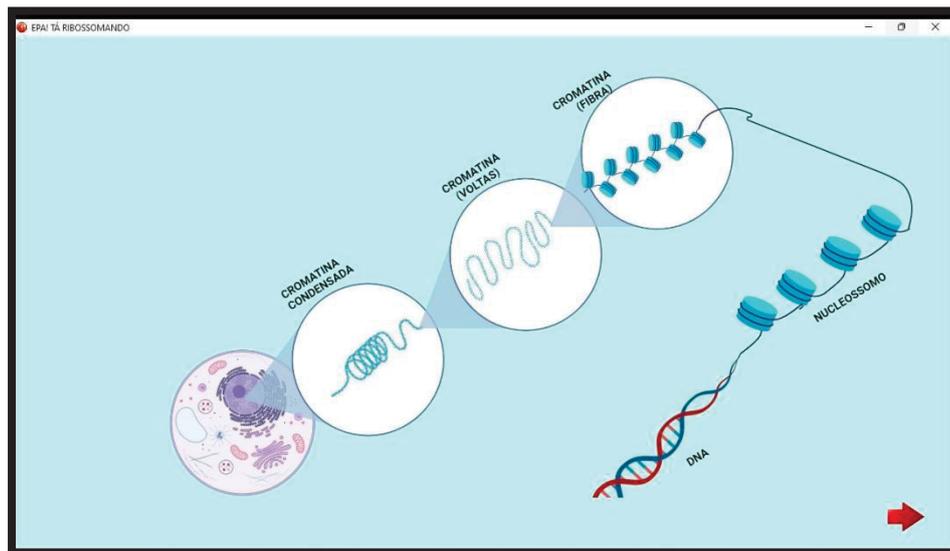
Figura 22. Coletando aminoácidos e nucleotídeos



Fonte: o autor

Seguindo as etapas do jogo, há o quadro Zoom (cena 4), no qual o jogador deve clicar em setas para avançar tendo uma visão geral partindo da célula até a estrutura molecular do DNA (figura 21). Uma etapa relativamente simples, mas que fornece ao aluno uma noção da organização estrutural da cromatina e indica para o aluno como o DNA está organizado no núcleo das células.

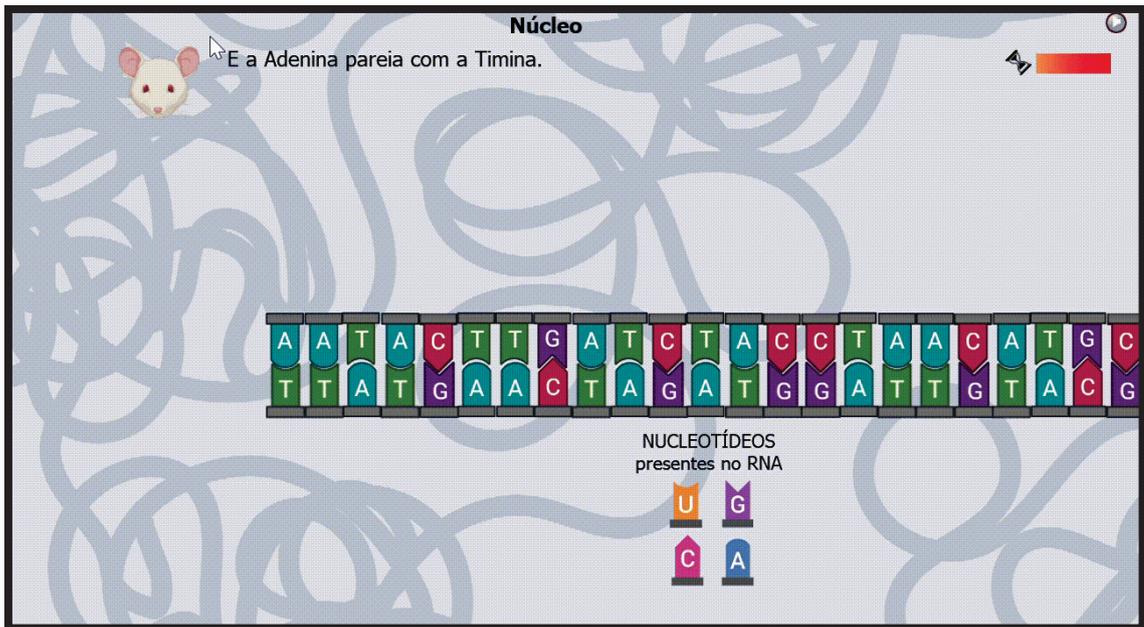
Figura 23. Ampliação da estrutura do núcleo ao DNA



Fonte: o autor.

Na Transcrição (cena 5), a imagem de fundo do jogo é a representação do ambiente do núcleo celular, com a dupla fita de DNA ao centro da tela e a fala do TAC apresentando as bases nitrogenadas e sua ligação complementar. Como essa molécula de DNA é gerada com sequências aleatórias, caso o aluno jogue diversas vezes ou compare a sequência com a de um colega, ele poderá perceber a existência de várias sequências gênicas responsáveis pela produção de diversos tipos de RNA e proteínas (figura 22).

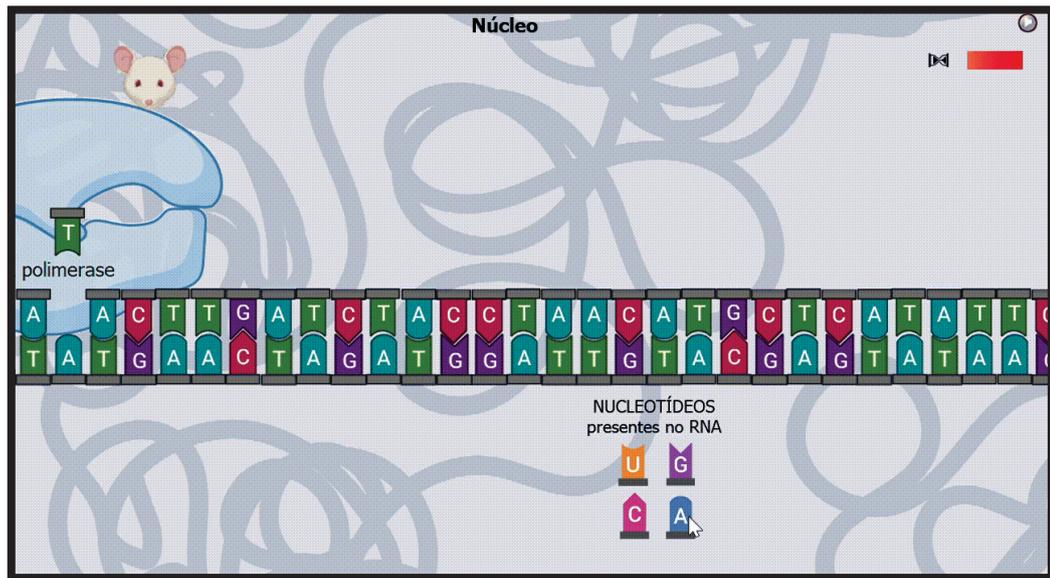
Figura 24. Início da transcrição



Fonte: o autor

Ainda na fala do TAC ele solicita que o jogador clique na enzima RNA polimerase para que o processo inicie, permitindo então a abertura da dupla fita de DNA (Figura 23). Os nucleotídeos livres no núcleo pertencentes ao RNA possuem um encaixe perfeito com nucleotídeos complementares e ao serem arrastados até a posição correta na fita molde de DNA, permanecerão pareados e serão incorporados no RNA nascente. Nesse momento, a seleção de mais de 3 nucleotídeos incorretos acarretarão em perda (Game over) e o desafio não deve ultrapassar o tempo limite de cinco minutos destinado a esse evento (figura 25).

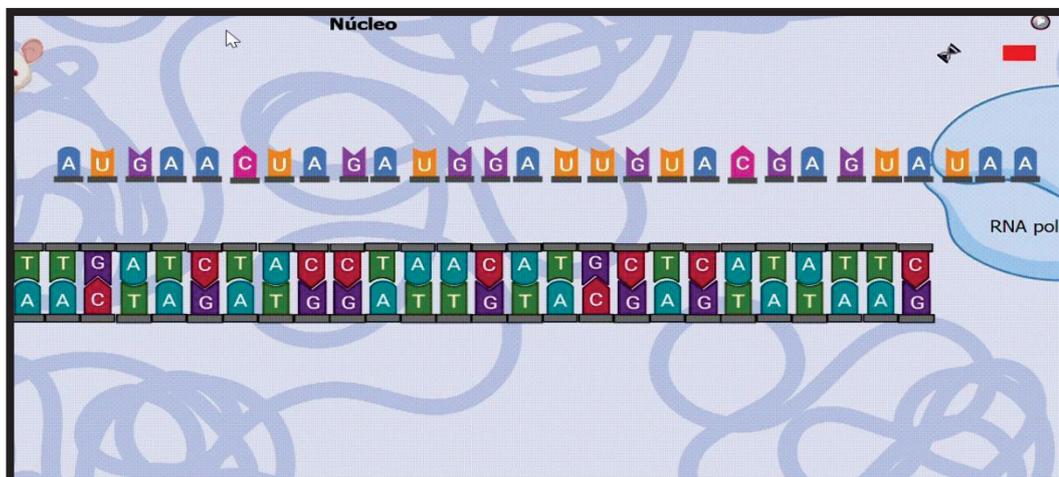
Figura 25. Síntese da molécula de RNA



Fonte: o autor

Durante a transcrição, por simplicidade, será formado o RNA já com o códon de iniciação AUG que codifica a metionina e o códon de terminação UAA. Na sequência, a molécula de RNA é exportada do núcleo para o citoplasma com uma indicação por texto de que esse RNA foi processado quimicamente antes da passagem pelo complexo do poro nuclear. TAC informa que o RNA sofreu processamento onde os éxons foram unidos e os introns removidos (splicing), além da adição do quepe na região iniciar 5' e a cauda poli A na extremidade 3', sendo solicitado para que clique na seta verde para avançar para o processo de tradução (figura 26).

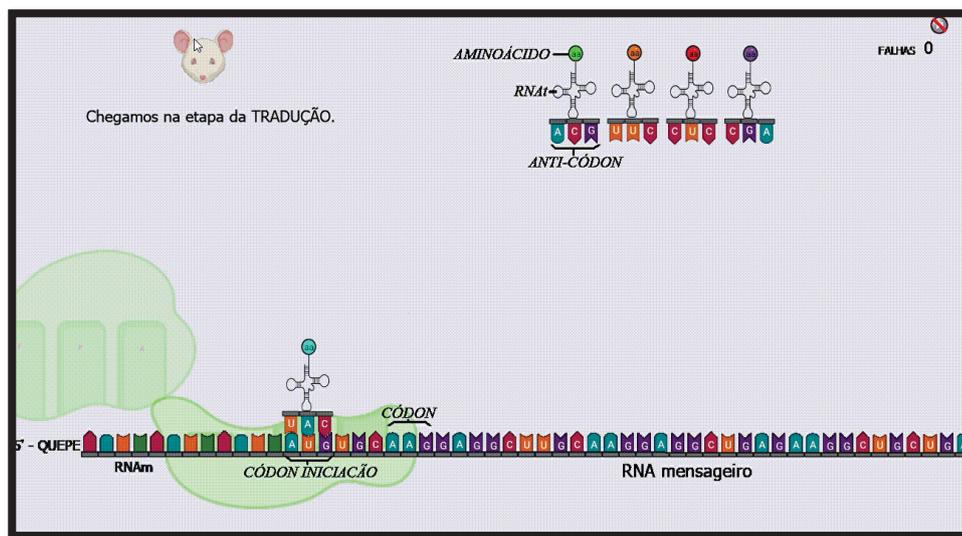
Figura 26. Exportação do RNA mensageiro



Fonte: o autor

No evento Tradução (cena 6), TAC comunica o início do processo de tradução e a molécula de RNAm e RNAt são apresentadas como diversas indicações na tela (códon de iniciação AUG, indicação visual do que é códon e anticódon, a estrutura de quepe na região 5', os RNAt, e os aminoácidos). A subunidade menor do ribossomo juntamente com o RNAt iniciador param sob a molécula de RNAm e é solicitado ao jogador que clique na seta para que a subunidade maior do ribossomo para montá-lo. No ribossomo montado é possível ver os sítio E, P, e A, que deram origem ao título do jogo (figura 25).

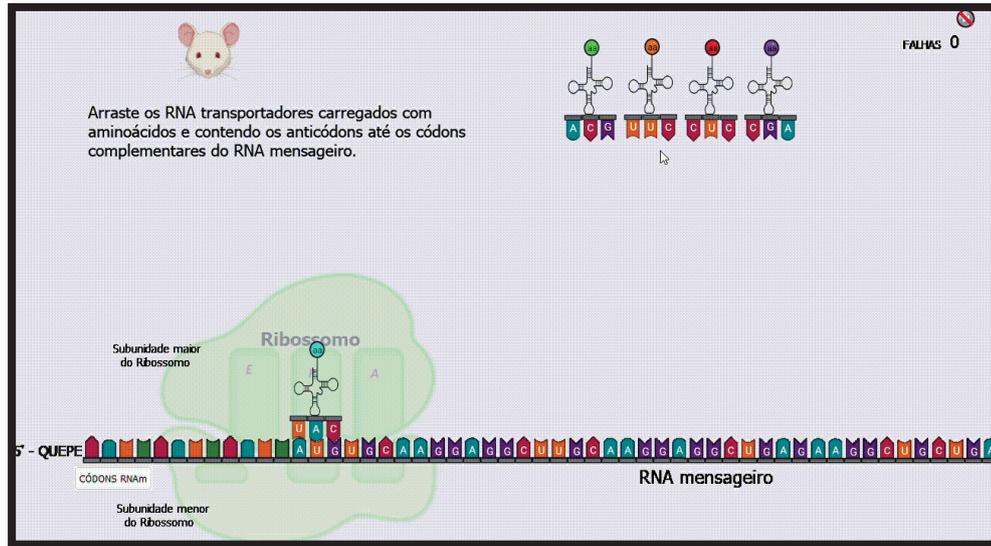
Figura 27. Início do processo de tradução



Fonte: o autor

Ainda com as orientações de TAC, o jogador deve arrastar os RNAt carregados com os aminoácidos e contendo os anticódons apropriados até o códon correto do RNAm (figura 26), sendo que a tabela do código genético pode ser encontrada com um clique do *mouse* (botão códons RNAm). Na primeira ligação formada, uma imagem com detalhes da estrutura química dos aminoácidos e também como se estabelece a ligação peptídica e a liberação da molécula de água são apresentadas ao jogador. O desafio nesta etapa é não errar a complementaridade códon - anticódon, pois a cada erro é emitido um som de desaprovação, não devendo passar de três erros. Se isto ocorrer, o jogador perderá (Game over). Sons indicando o acerto e erro são usados para aumentar a imersão do jogador.

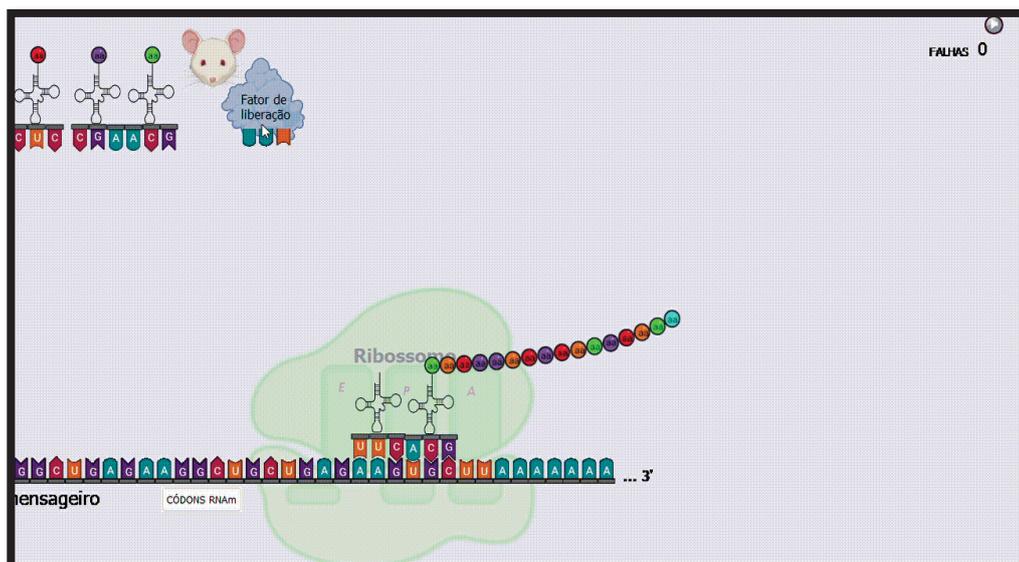
Figura 28. Formação das ligações peptídicas



Fonte: O autor

Ao chegar ao códon de terminação UUA, um fator de liberação proteico é exibido na tela para ser utilizado, permitindo a finalização da tradução e a desmontagem do ribossomo, com a liberação da proteína sintetizada. Por fim, TAC orienta que seja clicado na figura que representa as várias estruturas proteicas para caracterizar o evento do enovelamento proteico e na figura que representa das modificações dos processos pós-traducionais. Feito isso, o jogador é encaminhado para a tela de vitória (figura 27).

Figura 29. Finalizando a síntese proteica

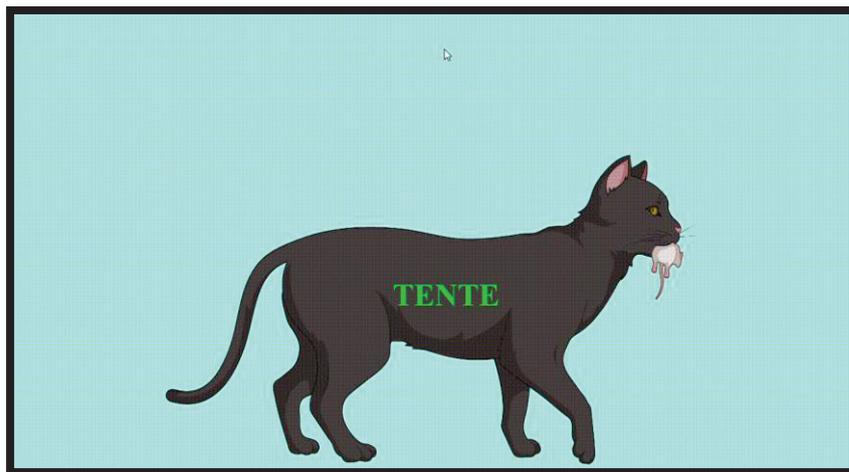


Fonte: o autor.

O quadro Game over (cena 7) é o momento que o jogador é direcionado para uma tela

quando comete muitos erros durante os eventos do jogo, sejam erros ao coletar nucleotídeos ou aminoácidos, ou extrapolar o tempo na transcrição ou mesmo não acoplar corretamente os códons e anticódons. A tela apresenta uma imagem de um gato que capturou o TAC e a mensagem “Tente novamente” (figura 28). Ao clicar na tela, o jogador é direcionado à tela inicial.

Figura 30. Tela de Game Over



Fonte: O autor

No quadro Créditos (cena 8) há a apresentação da logo das instituições que possibilitaram o desenvolvimento do jogo como a CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior), a UFPR (Universidade Federal do Paraná), PROFBIO (Mestrado Profissional em Ensino de Biologia em Rede Nacional), assim como as plataformas de recursos digitais Biorender e Clickteam Fusion (figura 29).

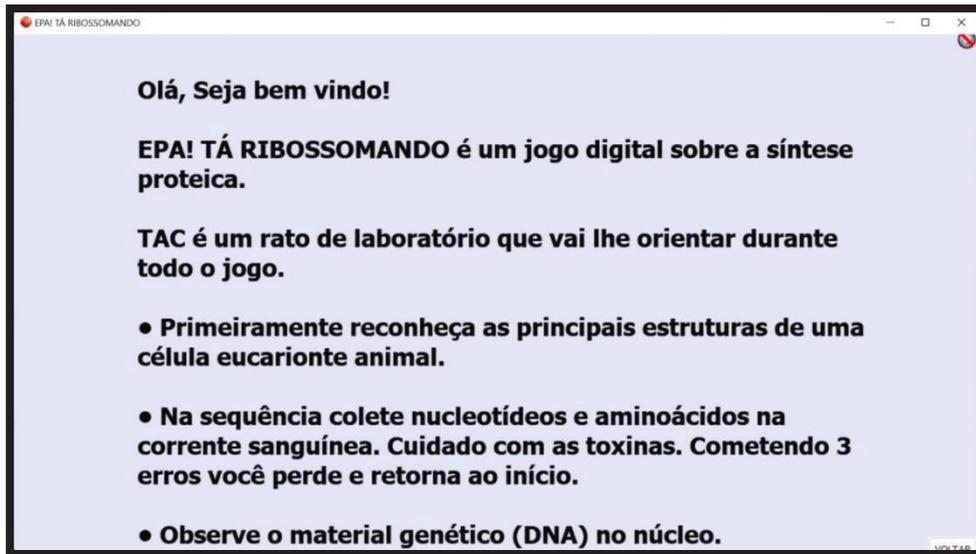
Figura 31. Tela de créditos do jogo



Fonte: O autor

A tela “Instruções” aparecerá se jogador clicar no botão instruções na tela inicial e aparecerá um texto em movimento com a visão geral do jogo e sua dinâmica. Mesmo o jogo sendo bastante intuitivo e com as falas de orientação, as instruções podem contribuir para uma boa jogabilidade (figura 30).

Figura 32. Tela de instruções do jogo



Fonte: O Autor

Por fim, ao vencer os desafios o jogador será encaminhado para a tela da Vitória, uma tela de comemoração pela produção da proteína, com a palavra parabéns ao centro da tela como se cada letra fosse um peptídeo e o TAC comemorando com outro rato com queijo e o botão encerrar (figura 31).

Figura 33. Tela da vitória



Fonte: O autor

5.1.1 Onde encontrar

O jogo está disponível em duas versões em arquivo para ser baixado quando não existir a possibilidade de acesso via internet ou for mais fácil deixar o jogo baixado através do site:

<https://www.biologames.com/>

E também na versão html5 esta sendo online no site:

<https://www.biologames.com.br/teste1>

5.2 SEQUÊNCIA DIDÁTICA

Tema: Síntese de proteínas

Objetivo geral: Possibilitar aos estudantes adquirir conhecimentos básicos sobre a síntese de proteínas nas células.

Metas:

- Jogar EPA! TÁ RIBOSSOMANDO como meio de investigar a produção celular de proteínas.
- Utilizar o recurso *Kahoot* para verificar o aprendizado dos alunos sobre a síntese de proteínas.

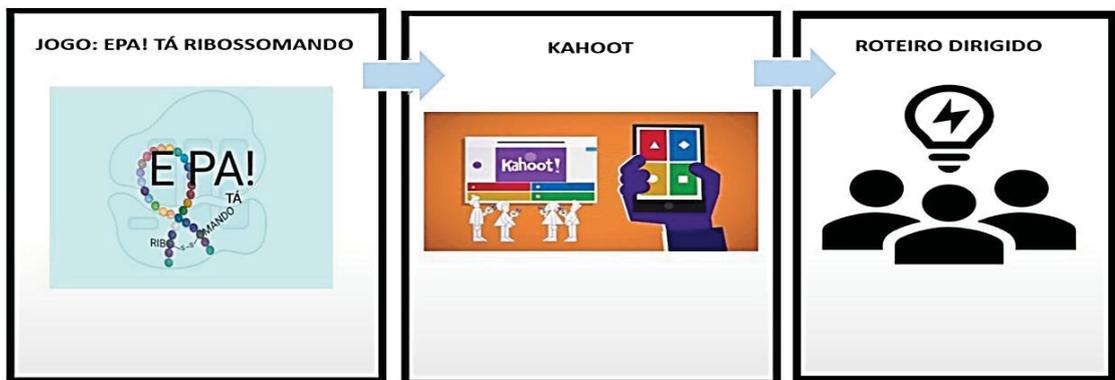
- Aplicar o Roteiro dirigido como ferramenta integradora para o tema de síntese proteica.

Nível Escolar: 1º ano do Ensino Médio.

Tempo Destinado: 4 aulas de 50 min cada.

A sequência didática segue uma sequência de atividades que inclui o uso do jogo EPA! TÁ RIBOSSOMANDO, um questionário interativo e o roteiro dirigido (Figura 34).

Figura 34. Etapas da Sequência didática



Fonte: o autor.

1ª aula

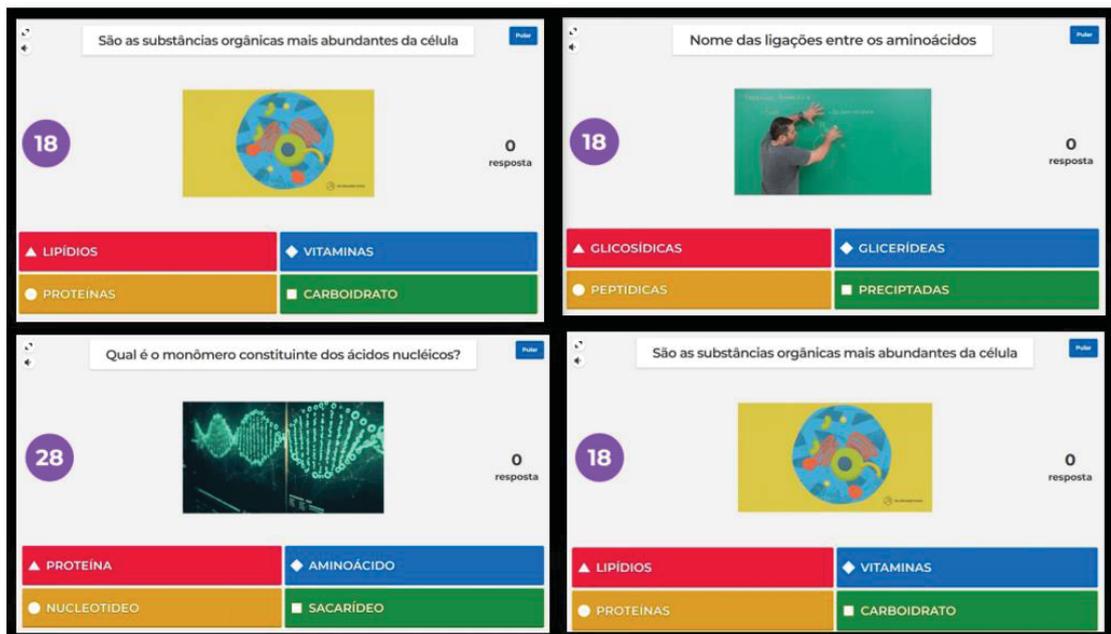
Nesta aula previamente organizada para um ambiente com computadores e com o jogo EPA! TÁ RIBOSSOMANDO instalado, os estudantes devem ser reunidos em grupos. O docente deve orientar para que os estudantes explorem o jogo, assim como fornecer orientações que garantam que os alunos sigam no jogo até o seu final. Se possível, fazer os questionamentos mais direcionados como local de ocorrência de determinada atividade celular, importância para a célula, forma como o processo influencia na manutenção da vida e consequências para a saúde etc. Além disso, o docente deve anotar aspectos relevantes que possam fomentar ou direcionar uma futura discussão com a turma antes do fim da aula. Ao fim da aula, fazer um levantamento sobre as interpretações dos alunos quanto à síntese proteica e solucionando ainda na aula possíveis equívocos.

2ª aula

Durante a segunda etapa dessa sequência também de cinquenta minutos deverá haver uma discussão sobre como os alunos interpretam a síntese de proteínas. Questões relevantes

registradas pelo docente ou levantadas pelos alunos durante a aula anterior poderão ser discutidas. Na sequência, os alunos deverão participar de um questionário interativo gamificado via *kahoot* sobre síntese de proteínas ([Link](#)), contendo 21 questões (apêndice 1). Perguntas que seguem o modelo da (figura 35), com o objetivo de reforçar o que foi abordado na aula anterior por meio do jogo e discussões em uma divertida competição. Para o docente, essa atividade será também uma forma de avaliar o aprendizado dos alunos até o momento.

Figura 35. Algumas questões do Kahoot



Fonte: O autor

3ª e 4ª aulas

Na terceira e última etapa foi proposto a disponibilização de duas aulas de preferência seguidas para a concretização dessa proposta de sequência didática.

No primeiro momento os alunos deverão ser agrupados em até sete equipes, e cada equipe deve receber um cartão com informações de um paciente do total de sete pacientes (Figura 36)

Figura 36. Fichas para caracterizar pacientes na atividade do roteiro dirigido

PACIENTE COM DIABETES	PACIENTE MULHER COM HIPERTENSÃO	PACIENTE CRIANÇA	PACIENTE IDOSO COM BAIXA RENDA	PACIENTE COM PROBLEMAS GASTRO INTESTINAIS	PACIENTE JOVEM COM PROBLEMAS CARDÍACOS	PACIENTE RECÉM - NASCIDO COM INTOLERÂNCIA À LACTOSE
						

Fonte: O autor

E recebe impressa a atividade do (APENDICE 2) que são questões sobre a síntese proteica e as etapas de transcrição e tradução seguindo a ideia que seria uma prova para estágio em um laboratório. Após conseguir êxito nesta prova recebe outra folha impressa com a mensagem (Apêndice 3) parabenizando e dizendo que o laboratório está estudando compostos já testados com células e animais que estas devem avançar para pesquisas clínicas em humanos e agora ele deve separar os compostos mais apropriados para o perfil de paciente alvo da terapia, e na sequência elaborar hipóteses que relacionem o mecanismo de ação dos compostos com o tratamento contra o câncer.

O docente deve orientar, e anotar possíveis dúvidas dos alunos para serem apontadas nas apresentações dos resultados da atividade desta aula.

Essa atividade foi planejada para permitir o uso do conhecimento adquirido pelos alunos sobre síntese de RNAs e proteínas para solução de um problema. Além disso, é possível fomentar diversas discussões sobre o valor da pesquisa básica, as possibilidades de intervenção terapêutica, a relação entre risco/benefício terapêutico do uso de determinado medicamento, a relevância social da pesquisa, o controle necessário para a liberação de medicamentos, entre outros. Para o encerramento proposta durante a 4ª aula, cada grupo de estudantes deve apresentar suas respostas, tanto para substância indicada para o tratamento do câncer, como a possível hipótese de sua ação. O docente terá então uma oportunidade muito rica para discutir com os alunos aspectos relacionados às discussões previamente mencionadas nessa aula e na seguinte.

6 DISCUSSÃO

Como panorama geral do ensino de Biologia há a constatação de uma educação tradicional com muitas deficiências, como observado por Mesquita *et al.* (2016) quando relatam que um dos principais desafios do ensino são as aulas meramente expositivas, com o estudante atuando como um sujeito passivo no processo. Aliado a isso, a maior parte das escolas não apresenta estrutura laboratorial conforme dados do INEP (2019) que relata que esse importante espaço de aprendizagem está presente em 38,8% das escolas de ensino médio da rede pública, e em 57,2% na rede privada. Fontes *et al.* (2013) relatam que o entendimento de determinados processos biológicos é dificultado, muitas vezes, por se apresentarem de forma complexa e imperceptível à visão humana, como é o caso de assuntos como a síntese de proteínas, que exige a abstração, noções de localização e tamanho, e compreensão de conceitos bioquímicos. Ainda, Alberts *et al.* (2014) reafirma que é necessário entender a Biologia Celular para nos entendermos, para cuidarmos de nossa saúde e de nosso abastecimento de comida e para protegermos nossos ecossistemas ameaçados.

Associado ao cenário descrito, vivemos numa sociedade com grandes avanços tecnológicos para a distribuição de informação (SÁ e SILVA, 2018), mas que é ainda deficiente em métodos que permitam que os estudantes apropriem-se adequadamente desse conhecimento, criem pontos de ancoragem na compreensão de eventos da ciência básica, como o metabolismo celular, e estabeleçam relações desses conhecimentos com a saúde e implicações para a vida.

Num mundo com tecnologias interessantes e atraentes, o grande desafio do professor é cativar a atenção do aluno, dado que a lousa e giz estão se tornando instrumentos monótonos de ensino mediante a evolução da tecnologia. Com isso, torna-se relevante a criação de ferramentas que permitam suprir essa lacuna ou no mínimo permitir avanços capazes de fomentar e manter a motivação dos alunos. Cantalice (2002) reforça a necessidade de inserção da tecnologia como uma ferramenta educacional que possibilite ao estudante o aprofundamento do conhecimento no assunto abordado pelo professor. Para isso, a utilização de jogos educativos, demonstrações lúdicas e visuais do conteúdo, bem como o acesso facilitado para troca de informações sobre o assunto estudado em classe podem ser ferramentas úteis aos processos de ensino-aprendizagem.

Nesse contexto, o ensino de processos celulares abstratos como a síntese proteica como uma representação celular e molecular que tenha um significado para o estudante do ensino médio é um desafio para o professor. Assim, o jogo EPA! TÁ RIBOSSOMANDO visa trazer a possibilidade de descoberta de um mundo de eventos moleculares, retratando como as células

“trabalham” incessantemente para a manutenção da vida através da síntese de moléculas como as proteínas. O jogo é composto de dez telas para apresentação, de maneira simplificada, da transcrição e tradução, em língua portuguesa. Embora existam alguns jogos e aplicativos sobre o assunto, eles geralmente são em língua inglesa, o que dificulta o uso para estudantes no Brasil. No jogo foram priorizados a apresentação da estrutura celular eucarionte animal com suas organelas, o papel dos nucleotídeos e aminoácidos na síntese dos ácidos nucleicos e proteínas, a demonstração da estrutura da cromatina como forma de localizar o processo de transcrição e fornecer noção de tamanho, e o transporte do RNA do núcleo para o citoplasma para demonstração do processo de tradução, num cenário interativo. Dessa forma, o docente pode abordar os processos de transcrição e tradução em si, bem como diversos temas ligados, direta e indiretamente, à síntese de proteínas, como exigem os documentos citados em Brasil (2017), que determinam que diversos conceitos, como as definições de vida, níveis de organização dos seres vivos, teoria celular, composição química da célula e estruturas celulares devem estar presentes no desenvolvimento dos estudos no primeiro ano do Ensino Médio.

A literatura relata benefícios da utilização de jogos como uma ferramenta poderosa em vários campos para possibilitar um aprendizado, e o jogo digital torna-se ainda mais aplicável com alunos do ensino médio, onde muitas vezes a tela do computador é sua interação mais rotineira. Negrine (1994) afirma que os jogos podem contribuir poderosamente no desenvolvimento global do adolescente e que todas as dimensões do jogo estão intrinsecamente vinculadas: a inteligência, a afetividade e a motricidade. O levantamento de recursos digitais disponíveis para o ensino, realizado no presente trabalho, reforça ainda mais a necessidade de desenvolvimento de mais ferramentas educacionais, visto que há escassez de trabalhos como este, e ferramentas que combinem vários estímulos como imagens, sons, animações e desafios podem provocar engajamento dos estudantes na busca de conhecimento. Isso é reforçado por Souza e Oliveira (2020) postulam que recursos pedagógicos contendo animações e simulações, demonstram melhores possibilidades de estimulação e de desenvolvimento de processos interativos e cooperativos para atingir os objetivos da aprendizagem.

Embora tenha se buscado uma boa representação dos processos no jogo desenvolvido, há limitações que devem ser apresentadas. Como alguns docentes não se interessam por jogos ou não confiam sua utilização mediante às dificuldades diversas na rotina escolar, a incorporação numa sequência didática torna-se fundamental para que os professores visualizem a utilização do jogo como possível, com recursos já prontos e que podem trazer resultados desejáveis no aprendizado. Essa sensibilização é importante porque os jogos digitais têm desempenhado um papel importante na cultura contemporânea, levando alguns pesquisadores a

realizar investigações para entender porque os jogos digitais são tão atraentes e qual dimensão do seu impacto na vida das pessoas (MENDONÇA, 2015). Não obstante, o envolvimento dos alunos numa atividade com jogos pode ser meramente para cumprir os desafios, sem dedicação de esforço e tempo para compreender o assunto abordado, como a síntese de proteínas em si. Essa é a preocupação relatada por Cavilheiri *et al.* (2013) quando expõem que muitas crianças, seduzidas pelos jogos digitais, passam longos períodos imersas nos desafios e fantasias desses artefatos midiáticos, dando a impressão de que estão imperturbáveis e que nada as distrai. Além disso, os jogos digitais, muitas vezes, consomem tempo que poderia ser utilizado para outras atividades (CAVILHEIRI *et al.*, 2013), o que faz com que muitas pessoas ainda encarem os jogos apenas como uma forma de recreação e entretenimento, não os enxergando como um recurso motivador que permite que os alunos interajam e se interessem pelo que está sendo ensinado (MARCHIORI *et al.*, 2014).

Respeitando as limitações técnicas do jogo EPA! TÁ RIBOSSOMANDO, é encorajador pensar neste trabalho como forma de inspiração para que outros docentes criem seus próprios jogos para abordar os componentes curriculares da Biologia ou de outras áreas. Brasil (1997) relata que a utilização de jogos como ferramenta pedagógica pode revolucionar a maneira de ensinar e aprender. Neste contexto, ferramentas amigáveis para a criação de jogos e animações interativas podem permitir que professores mais familiarizados com tecnologia e inovadores tornem-se desenvolvedores. Por exemplo, a *engine Clickteam Fusion*, selecionada no presente trabalho, fornece certa liberdade na criação de jogos 2D sem a necessidade de conhecimento de linguagens específicas, como *C, Java, Python, Go*, dentre outras que são muito utilizadas em jogos comerciais. Com a engine escolhida, imagens de cunho didático e científico para o ensino de Biologia, que disponíveis em plataformas com *Biorender*, podem ser usadas para fins didáticos e não comerciais. Ambas ferramentas foram muito úteis no desenvolvimento do jogo EPA! TÁ RIBOSSOMANDO. Contudo, mesmo com uma visão otimista sobre o uso de novas ferramentas como os jogos, é importante salientar que o simples uso de jogos não garante o aprendizado dos conteúdos e seus desdobramentos, cabendo ao professor selecionar as abordagens mais eficientes para que os estudantes consigam compreender conceitos abstratos, como a síntese de proteínas.

A validação da utilização dos jogos baseada em evidências (ALVES, 2020) e no conhecimento do mercado, meio e motivações das pessoas (PRENSKY, 2022) traz um cenário otimista para a utilização de jogos digitais como uma ferramenta no ensino. Contudo, isso exigirá mais preparo e dedicação dos docentes para apropriação dos recursos.

A sequência didática apresentada neste trabalho foi produzida para orientar a aplicação

do jogo EPA! TÁ RIBOSSOMANDO e segue a visão um pouco mais investigativa, conforme abordagem citada por Santos (2020), ao relatar que o ensino por investigação pode ser caracterizado como uma prática na qual o aluno atua como protagonista em um processo investigativo para a construção do conhecimento, ao resolver um problema ou questão. Contudo, o mero uso do jogo não apresenta esse tipo de abordagem, pois uma abordagem investigativa é muito mais abrangente, requer o estabelecimento e teste de hipótese, e é rica em oportunidades de experimentação.

Optou-se por empregar na sequência didática o painel integrado, uma vez que este constitui-se numa estratégia de trabalho em sala de aula em diversas situações, que envolve mais pessoas discutindo entre si, tornando-se mais interessante para os estudantes do que ouvir uma só pessoa fazendo uma exposição (ANASTASIOU e ALVES, 2008). Nos momentos da metodologia dialética, o painel integrado pode ser aproveitado tanto para mobilização para o conhecimento, como de construção e até para o momento de elaboração de sínteses. Seu tempo, espaço, duração e preparação podem acontecer no próprio espaço de aula e não requer cuidado exacerbado (ANASTASIOU e ALVES, 2008). E ainda segundo Sasseron (2013) e Sedano e Carvalho(2017), a interação nos grupos aproxima os estudantes das características próprias do fazer científico, tais como a proposição e discussão de hipóteses, argumentação e divulgação de ideias; colabora para uma dinâmica de integração e diálogo entre alunos e professores, de modo a estabelecer relações positivas de cooperação e superar dificuldades coletivamente, conduzindo ao desenvolvimento de competências sociais de cidadania e comunicação, necessárias à vida.

Já o emprego do jogo no contexto da sequência didática pode contribuir para a construção de metodologias dinâmicas e interativas para o entendimento de assuntos considerados complexos em sala de aula (GERMANO, 2019). Por fim, a proposta de utilização do Kahoot! como plataforma gamificada para o processo de consolidação e avaliação do aprendizado para o final da sequência didática visa manter o interesse dos alunos. Nesse sentido, Vargas e Ahlert (2017) verificaram que a avaliação e a aprendizagem através dos *Quizzes* podem manter a participação e interesse dos alunos pela dinâmica da atividade, e fornecem um feedback rápido durante as perguntas para o professor que pode sanar possíveis dúvidas de imediato.

7 CONCLUSÃO

O jogo EPA! TÁ RIBOSSOMANDO foi desenvolvido com a utilização das ferramentas *Clickteam Fusion e Biorender*, e ilustra os cenários dos processos de transcrição e tradução com suas dinâmicas específicas, servindo como ferramenta para auxiliar os docentes no ensino de um conteúdo abstrato e de difícil compreensão pelos estudantes. Foi elaborada uma sequência didática que visa fornecer uma possível abordagem de como o docente pode aplicar o jogo em sua sala de aula com uma abordagem simples, divertida e com os recursos prontos e gratuitos. Com as ferramentas desenvolvidas espera-se ser possível direcionar o aprendizado dos estudantes sobre os elementos envolvidos na dinâmica celular para a produção das proteínas, bem como o estabelecimento de conexões entre esses elementos com assuntos como saúde, ciência, desenvolvimento e uso de medicamentos.

8 CONSIDERAÇÕES FINAIS

O aprendizado efetivo de processos complexos e abstratos, como a síntese de proteínas, é um desafio para os estudantes do Ensino Médio. Além disso, as novas gerações de alunos estão imersas numa realidade rodeada de dispositivos tecnológicos, informação, mídias e jogos que na ótica do aluno são, muitas vezes, mais interessantes que os assuntos de Biologia. Logo, acreditamos que o professor deve se beneficiar dessas novas ferramentas, ao invés de combatê-las. A partir dessa perspectiva, a criação e o emprego de jogos virtuais como ferramentas auxiliaadoras no processo de ensino-aprendizagem abrem novas oportunidades de motivação e resgate do papel ativo do aluno na construção do conhecimento. O emprego de jogos digitais vincula a aprendizagem com as ferramentas que são próprias da grande maioria dos jovens e assim possibilita autonomia, criando laços com o objeto de estudo e possibilitando um pertencimento. Além disso, os jogos podem permitir uma sistematização mais efetiva do conteúdo, devido a riqueza de imagens, sons e ações, sendo uma maneira divertida e prática para propiciar o desenvolvimento do aprendizado, no qual o aluno está integrado ao assunto com ações que decorrem de sua interação.

Foi com a visão mencionada que a proposta de desenvolvimento de um jogo sobre síntese proteica foi estabelecida e executada por um professor de ensino fundamental e médio com vinte anos de experiência na docência, tanto em instituições públicas quanto particulares, dentro do mestrado profissionalizante em Ensino de Biologia (PROFBIO). No início, foram muitas descobertas, tentativas e erros, assim como estudos e observação de tutoriais os quais demandaram muitas horas em frente à tela do computador. Assim, a construção de um jogo foi um desafio maior do que imaginado inicialmente ao ingressar no PROFBIO, mas o aprendizado possibilitou a criação deste trabalho com o jogo EPA! TÁ RIBOSSOMANDO e a sequência didática como recursos disponíveis para o ensino aprendido.

REFERÊNCIAS

- ALBERTS, B.; JOHNSON, A.; LEWIS, J.; MORGAN, D.; RAFF, M.; ROBERTS, K.; WALTER, P. *Molecular Biology of the Cell*, 6a ed. Nova York: Garland Publisher. 2014.
- ALVEZ, L.; COUTINHO, I. J. *Jogos digitais e aprendizagem*. São Paulo: Papirus. 2018.
- ANASTASIOU, L. G. C; ALVES, L. P. *Estratégias de Ensino*. 2008. Disponível em: <https://moodle.ufsc.br/pluginfile.php/1390223/mod_resource/content/1/anastasiou.pdf> Acesso em: 09/03/2022.
- BIOMAN. *Protein Synthesis Race*. 2022. Disponível em: <<https://www.biomanbio.com/HTML5GamesandLabs/LifeChemgames/protsynthracehtml5page.html>>. Acesso em: 14 out. 2022.
- BRASIL. Ministério de Educação. *Base Nacional Comum Curricular*. [S. l.], 2017. Disponível em: http://basenacionalcomum.mec.gov.br/images/historico/BNCC_EnsinoMedio_embaixa_site_110518.pdf. Acesso em: 24 ago. 2020.
- BRASIL. Ministério de Educação. *Orientações Curriculares para o Ensino médio. Ciências da Natureza, Matemática e suas tecnologias*. Brasília: Ministério de Educação. 2006.
- CANTALICE, L. *Tecnologia na educação. Psicologia Escolar e Educacional*, [s. l.], 2002. Disponível em: https://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1413-85572002000200010&lng=pt&tlng=pt. Acesso em: 17 ago. 2020.
- CARVALHO, J. *Avaliação do impacto do jogo "Sintetizando Proteínas" no processo de ensino- aprendizagem para alunos do ensino médio*. USP, [s. l.], 2009. Disponível em: <file:///C:/Users/denti/Downloads/dissertacao3146332.pdf>. Acesso em: 20 ago. 2020.
- CHASSOT, A. *Alfabetização científica: uma possibilidade para a inclusão social*. *Revista Brasileira de Educação, ANPEd*, n. 26, p.89-100, 2003.
- DA ROCHA, D.; RODRIGUES, M. *Jogo didático como facilitador para o ensino de Biologia no Ensino Médio*. *CIPPUS*, v. 8, n. 2. 2018.
- FELIZARDO, D. *Aprendizagem significativa: o que é preciso?*. [S. l.], 2020. Disponível em: <https://portal.jpiaget.com.br/informes/37#:~:text=Essa%20aprendizagem%20exige%20uma%20ousadia,estabelecer%20rela%C3%A7%C3%B5es%20diretas%20e%20superficiais>. Acesso em: 28 ago. 2020.
- FERNANDES, N. *Uso de jogos educacionais no processo de ensino e de aprendizagem*. UFRGS, [s. l.], 2010. Disponível em: <https://www.lume.ufrgs.br/bitstream/handle/10183/141470/000990988.pdf?sequence=1>. Acesso em: 28 ago. 2020.

FIRST CLASS STANGING. Biology molecular genetics. 2022. Disponível em: <https://play.google.com/store/apps/details?id=com.firstclasstanding.molecular_genetics> Acesso em : 14 out 2022.

FISCARELLI, R. Material didático e prática docente. Revista Ibero – Americana de Estudos em Educação, UNESP, São Paulo, 2007, Disponível em: <http://seer.fclar.unesp.br/iberoamericana/article/view/454>. Acesso em: 09/03/2022.

FONTES, G.; Simulação do processo de síntese de proteínas: limites e possibilidades de uma atividade didática aplicada a alunos de ensino médio. Experiências em Ensino de Ciências, [s. l.], 2013.

FROZAX. DNA mutations puzzles. 2022. Disponível em: <<https://play.google.com/store/apps/details?id=com.frozax.dnamutations>>. Acesso em: 14 out 2022.

GAGLIARDI, R. Los Conceptos Estructurales en el Aprendizaje por Investigación. Enseñanza de las Ciencias, v.4, n.1, p.30-35, 1986.

GOLDBACH, T.; PEREIRA, W.; DOS ANJOS FONSECA SAMPAIO DA SILVA, B.; OLIVEIRA OKUDA, L.; RIBEIRO DE SOUZA, N. 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.º extra, pp. 1566-72. 2013.

GRIFFITHS, Anthony J. F. et al. Introdução à genética. 11. ed. ed., reimp.. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2016 / 2017. 2017 v, xviii, 760 . p.

HUIZINGA, Johan. Homo Ludens: o jogo como elemento da cultura. São Paulo: Perspectiva, 2016.

INEP, Ministério da Educação. Instituto Nacional de Estudos e Pesquisas Educacionais Anísio Teixeira. 2019. Disponível em [<https://www.gov.br/inep/pt-br/assuntos/noticias/censo-escolar/dados-do-censo-escolar--noventa-e-cinco-por-cento-das-escolas-de-ensino-medio-tem-acesso-a-internet-mas-apenas-44-tem-laboratorio-de-ciencias>] disponível em 01/03/2022.

MACEDO, K. Metodologias ativas de aprendizagem. EEAN, [s. l.], 2018. Disponível em: https://www.scielo.br/pdf/ean/v22n3/pt_1414-8145-ean-22-03-e20170435.pdf. Acesso em: 15 ago. 2020.

MENDONÇA, S.; RABELO, M. Linha do tempo: biologia molecular. Rio de Janeiro: CECIERJ, 2010. Disponível em: <https://canal.cecierj.edu.br/recurso/5785>. Acesso em : 15 out 2022.

MESQUITA, S. Metodologias ativas de ensino/aprendizagem: dificuldades de docentes de um curso de enfermagem. Trabalho, Educação e Saúde, [s. l.], 2016. Disponível em: <https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S1981->

77462016000200473&script=sci_arttext&tlng=pt. Acesso em: 18 ago. 2020.

MYKIDSISANALLIEN. 03 DNA Decoder. 2022. <Disponível em:<<https://play.google.com/store/apps/details?id=com.MyKidisanAlien.DNADecoder>>. Acesso em: 14 out 2022.

NASCIMENTO, J. V. Citologia no ensino fundamental: dificuldades e possibilidades na produção de saberes docentes. 2016. Dissertação (Mestrado em Ensino na Educação Básica), Universidade Federal do Espírito Santo, 2016.

NEGRINE, Airton. Aprendizagem e desenvolvimento infantil. Porto alegre: Propil, 1994.

OLIVEIRA, A. Um olhar sobre o ensino de ciências e biologia para alunos deficientes visuais. Dissertação de mestrado. Universidade Federal do Espírito Santo. 2018.

OPENSTAX. Nucleic Acids. 2022. Disponível em:<<https://openstax.org/books/biology/pages/3-5-nucleic-acids>>. Acesso em: 14 out. 2022.

PHET. Fundamentos da expressão genética. 2022. Disponível em:https://phet.colorado.edu/pt_BR/simulations/gene-expression-essentials. Acesso em: 15 ago 2022.

PRENSKY, M. Aprendizagem baseada em jogos digitais. São Paulo:SENAC. P.26.

RIBEIRO, K. "Síntese de proteína"; Brasil Escola. 2018. Disponível em: <https://brasilescola.uol.com.br/biologia/decifrando-codigo-traducao-proteica.htm>. Acesso em 25 de ago de 2020.

ROGERO, M.; TIRAPEGUI, J. Proteínas. Nutrição, fundamentos e aspectos atuais. Tradução . São Paulo: Atheneu, 2013.

Santos, M.C. M. Ensino de Biologia por investigação no contexto das Doenças Cardiovasculares na Educação de Jovens e Adultos. João Pessoa, 2020.

SASSERON, L.H. Interações discursivas e investigação em sala de aula: o papel do professor. In: CARVALHO, A. M. P. de (Org.). Ensino de ciências por investigação: condições para implementação em sala de aula. 1 ed. São Paulo: Cengage Learning, 2013.

SIB. Genome jumper. 2022. Disponível em:<<https://play.google.com/store/apps/details?id=ch.sib.genomejumperfinal>>. Acesso em: 14 out 2022.

SILVA, A. T. Decifrando o código genético: aprendendo na prática como os genes se expressam. 2020. 70 p.

SOUSA, J. Situações-problema como estratégia para a aprendizagem significativa em

Biologia. Revista de Ensino de Biologia da SBEnBio, v. 12, n. 2, 270-291. 2019.
<https://doi.org/10.46667/renbio.v12i2.239>

SOUZA, V. L. T. Escola e construção de valores: desafios à formação do aluno e do professor. São Paulo, Loyola, 2005.

Universidade de São Paulo. Transcrição do RNA. 2022. Disponível em:<<http://romeo.if.usp.br/~browngon/03/RNATRANCRIÇÃO.html>>. Acesso em 14 out 2022.

VARELLA, G. Há laboratórios de informática em 81% das escolas públicas, mas somente 59% são usados. [S. l.], 3 ago. 2017. Disponível em:
<https://epoca.globo.com/educacao/noticia/2017/08/ha-laboratorios-de-informatica-em-81-das-escolas-publicas-mas-somente-59-sao-usados.html>. Acesso em: 20 ago. 2020.

VARGAS, D.; AHLERT, E. M. O Processo de Aprendizagem e Avaliação através de Quiz. 2017. Disponível em:
<https://www.univates.br/bdu/bitstream/10737/2038/1/2017DaianadeVargas.pdf>. Acesso em: 12 mar. 2022.

VIEIRA, F. Ensino por Investigação e Aprendizagem Significativa Crítica: análise fenomenológica do potencial de uma proposta de ensino. Bauru: Universidade Estadual Paulista. Programa de Pós-Graduação em Educação para a Ciência. 2012. 197 p.

VITÓRIA, André Barbosa; SOUZA, Juliana Yuri Kanezaki; ANDRADE, Mariella Berger. Amigoácidos: uma proposta lúdica para o ensino de biologia molecular. XVII SBGames. Foz do Iguaçu, (...) Anais. Outubro/2018.

APÊNDICES

APENDICE 1 – QUESTÕES DO KAHOOT

São as substâncias orgânicas mais abundantes da célula

18



0 resposta

▲ LIPÍDIOS	◆ VITAMINAS
● PROTEÍNAS	■ CARBOIDRATO

Nome das ligações entre os aminoácidos

18

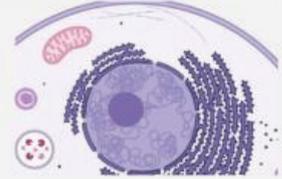


0 resposta

▲ GLICOSÍDICAS	◆ GLICERÍDEAS
● PEPTÍDICAS	■ PRECIPTADAS

Local na célula onde ocorre a transcrição exceto?

28

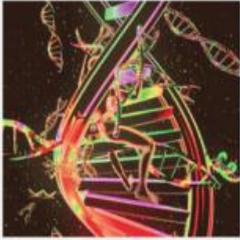


0 resposta

▲ MITOCÔNDRIA	◆ NÚCLEO
● CLOROPLASTO	■ MEMBRANA PLASMÁTICA

Base nitrogenada exclusiva do DNA

18



0 resposta

▲ CITOSINA

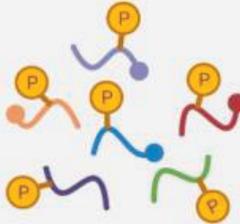
◆ GUANINA

● URACILA

■ TIMINA

São biomoléculas formadas pela ligação de dois ou mais aminoácidos

18



0 resposta

▲ PEPTÍDEOS

◆ LIPÍDIOS

● VITAMINAS

■ ÁCIDOS NUCLÉICOS

Qual é o monômero constituinte dos ácidos nucleicos?

28



0 resposta

▲ PROTEÍNA

◆ AMINOÁCIDO

● NUCLEOTÍDEO

■ SACARÍDEO

Qual é o número geral de aminoácidos possíveis para a síntese de proteínas Pular

18

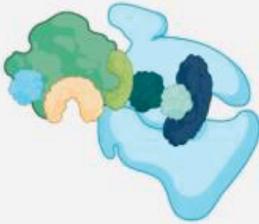


0 resposta

<input type="radio"/> 10	<input type="radio"/> 20
<input type="radio"/> 30	<input type="radio"/> 64

Proteínas que atuam acelerando reações químicas são denominadas? Pular

18

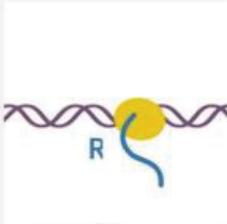


0 resposta

<input type="radio"/> ENZIMAS	<input type="radio"/> RECEPTORES
<input type="radio"/> TRANSPORTADORAS	<input type="radio"/> PROTEASES

Qual é o nome do processo que ocorre no núcleo e origina uma molécula de RNA? Pular

28



0 resposta

<input type="radio"/> TRANSCRIÇÃO	<input type="radio"/> DUPLICAÇÃO
<input type="radio"/> REPLICAÇÃO	<input type="radio"/> TRANSDUÇÃO

Base nitrogenada exclusiva do RNA

18



0 resposta

▲ TIMINA

◆ URACILA

● GUANINA

■ ADENINA

São as substâncias orgânicas mais abundantes da célula

18



0 resposta

▲ LIPÍDIOS

◆ VITAMINAS

● PROTEÍNAS

■ CARBOIDRATO

Qual é o sentido da leitura da fita de RNA para a síntese proteica

18



0 resposta

▲ $3' \rightarrow 5'$

◆ $5' \rightarrow 5'$

● $5' \rightarrow 3'$

■ $3' \rightarrow 3'$

Tipo de interação entre as bases nitrogenadas

14



0 resposta

<input type="checkbox"/> PONTES DE NITROGÊNIO	<input type="checkbox"/> FORÇAS DE LONDON
<input type="checkbox"/> PONTES DE SAFENA	<input type="checkbox"/> LIGAÇÕES DE HIDROGÊNIO

RNA que possui o anticódon e carrega aminoácidos para a síntese de proteínas.

18



0 resposta

<input type="checkbox"/> MENSAGEIRO	<input type="checkbox"/> RIBOSSÔMICO
<input type="checkbox"/> NUCLEOTÍDECO	<input type="checkbox"/> TRANSPORTADOR

Quais são os monômeros componentes das proteínas?

27



0 resposta

<input type="checkbox"/> GLICERÍDEOS	<input type="checkbox"/> AMINOÁCIDOS
<input type="checkbox"/> NUCLEOTÍDEOS	<input type="checkbox"/> MONOSSACARÍDEOS

Qual é o nome da enzima responsável pelo processo de transcrição?

19

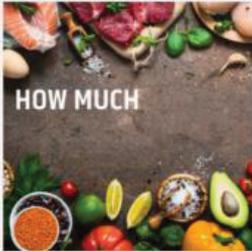


0 resposta

<input type="radio"/> RNA de transferência	<input type="radio"/> DNA polimerase
<input type="radio"/> RNA polimerase	<input type="radio"/> RNA ribossômico

São fontes ricas em proteínas

18

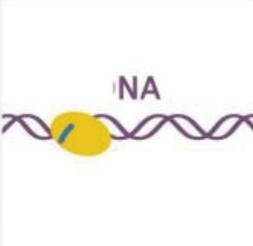


0 resposta

<input type="radio"/> OVO; LEITE E SOJA.	<input type="radio"/> BOLACHAS, CHÁS E TEMPEROS.
<input type="radio"/> FRUTAS, BANHA E SUCOS.	<input type="radio"/> AZEITES, SAIS E ÁGUA.

Nome do processo que ocorre no citoplasma para produzir a proteína?

19

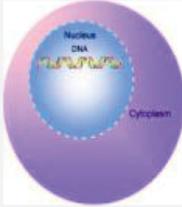


0 resposta

<input type="radio"/> TRANSCRIÇÃO	<input type="radio"/> TRANSAMINAÇÃO
<input type="radio"/> REPLICAÇÃO	<input type="radio"/> TRADUÇÃO

Um códon é a sequência de 3 nucleotídeos presentes na(o)? Pular

19



0 resposta

<input checked="" type="radio"/> RNA MENSAGEIRO	<input checked="" type="radio"/> DNA
<input type="radio"/> PROTEÍNA	<input type="radio"/> AMINOÁCIDO

Estrutura responsável pela síntese da proteína mediante pareamento correto entre códon e anticódon. Pular

18



0 resposta

<input checked="" type="radio"/> RNA t TRANSPORTADOR	<input checked="" type="radio"/> RIBOSSOMO
<input type="radio"/> LISSOSSOMO	<input type="radio"/> PROTEASE

Quais são as bases do códon de iniciação presente no RNAm? Pular

17



0 resposta

<input checked="" type="radio"/> AUG	<input checked="" type="radio"/> AAA
<input type="radio"/> TTT	<input type="radio"/> CCC

Aminoácido presente no anticódon de iniciação para a síntese de proteínas Pular

17



0 resposta

<input type="checkbox"/> METIONINA	<input type="checkbox"/> ALANINA
<input type="checkbox"/> TRIPTOFANO	<input type="checkbox"/> CISTEÍNA

APENDICE 2 - ESTUDO DIRIGIDO - BIOLOGIA – SÍNTESE PROTEICA

Nome:

Série:

Data:

Leia a história e resolva o que se pede.

Dr. EPA, renomado pesquisador, está trabalhando com substâncias experimentais para o tratamento de câncer com sua equipe de pesquisas avançadas do Norte. Uma nova oportunidade de participar da equipe como estagiário 1 está disponível. Para tanto é necessário a realização de um teste de conhecimentos básicos em síntese de proteínas.

Questões:

O processo de transcrição celular pode ocorrer no núcleo, nas mitocôndrias e no cloroplastos das células qual é o produto deste processo?

- a) DNA b) RNA c) Nucleotídeos d) Lipídios

No processo de tradução que ocorre no citoplasma celular temos várias estruturas envolvidas diretamente exceto:

- a) Ribossomos b) Centríolo c) RNAm d) RNAt

Complete a tabela com as bases ou aminoácidos que representam os processos de síntese de proteína para esse fragmento de DNA. Consulte a tabela do código genético (tabela A).

Dupla fita de DNA

5'				G	G	G	T	A	C	A	G	C	A	T	A	T	A	A	3'		
3'	T	A	C																5'		
transcrição ↓																					
RNAm																					
5'																		U	A	A	3'
Tradução ↓																					
aa																				aa	
RNAt																					
X																			LIBERAÇÃO	X	

Tabela A. Códon para consulta

	U	C	A	G	
U	UUU } Phe	UCU } Ser	UAU } Tyr	UGU } Cys	U
	UUC } Phe	UCC } Ser	UAC } Tyr	UGC } Cys	C
	UUA } Leu	UCA } Ser	UAA } STOP	UGA } STOP	A
	UUG } Leu	UCG } Ser	UAG } STOP	UGG } Trp	G
C	CUU } Leu	CCU } Pro	CAU } His	CGU } Arg	U
	CUC } Leu	CCC } Pro	CAC } His	CGC } Arg	C
	CUA } Leu	CCA } Pro	CAA } Gln	CGA } Arg	A
	CUG } Leu	CCG } Pro	CAG } Gln	CGG } Arg	G
A	AUU } Ile	ACU } Thr	AAU } Asn	AGU } Ser	U
	AUC } Ile	ACC } Thr	AAC } Asn	AGC } Ser	C
	AUA } Ile	ACA } Thr	AAA } Lys	AGA } Arg	A
	AUG } Met (start)	ACG } Thr	AAG } Lys	AGG } Arg	G
G	GUU } Val	GCU } Ala	GAU } Asp	GGU } Gly	U
	GUC } Val	GCC } Ala	GAC } Asp	GGC } Gly	C
	GUA } Val	GCA } Ala	GAA } Glu	GGA } Gly	A
	GUG } Val	GCG } Ala	GAG } Glu	GGG } Gly	G

CÓDONS
no
RNAm

APENDICE 3 -

Parabéns! Você venceu a etapa de seleção e é o mais novo estagiário nível 1 da equipe de pesquisa. Este mês iniciam as pesquisas denominadas fase 2 onde compostos já testados com células e animais devem avançar para pesquisas clínicas em humanos. Para isso, você deve analisar as características de cada um dos compostos (A-E), discutir com sua equipe de pesquisa e indicar o composto mais apropriado para o perfil de paciente alvo da terapia, e na sequência elaborar hipóteses que relacionem o mecanismo de ação dos compostos com o tratamento contra o câncer

Figura 37. Compostos sob triagem experimental para uso em pacientes



- ✓ A substância A impede a ação de enzimas mitocondriais em indivíduos com diabetes.
- ✓ A substância A apresenta elevados custos econômicos para sua síntese.
- ✓ A substância B inicialmente trouxe dados de efeitos colaterais como erupções cutâneas, visão embaçada, batimentos cardíacos irregulares, vômitos e desmaios.
- ✓ Nos indivíduos que possuem hipertensão arterial, a substância B amplia muito os riscos de um acidente vascular cerebral.
- ✓ A substância C é caracterizada dentro de substâncias liberadas para pesquisa, mas que ainda não têm sua utilização comercial liberada.
- ✓ A substância C pode ocasionar lesões no sistema nervoso a longo prazo.
- ✓ A substância D pode gerar resíduos metabólicos que prejudicam o processo digestivo na região do intestino delgado.

- ✓ A substância D pode gerar fadiga e dor muscular, além de disfunção sexual.
 - ✓ Indivíduos com problemas cardíacos não devem utilizar a substância E.
 - ✓ A substância E age inesperadamente em indivíduos com intolerância à lactose.
-