



INOVANDO O ENSINO DE GENÉTICA COM ALINHAMENTO ESTRUTURAL DE PROTEÍNAS REALIZADO POR UM JOGO DE COMPUTADOR

RENATO MASSAHARU HASSUNUMA; WILSON MASSASHIRO YONEZAWA

INTRODUÇÃO: O alinhamento estrutural de proteínas corresponde à comparação da sequência de resíduos de aminoácidos que formam estas biomoléculas. No alinhamento estrutural, podem ser utilizados programas computacionais que também podem estimar a estrutura de uma proteína a partir da comparação com outra proteína que possua uma sequência de aminoácidos semelhante e cuja estrutura bioquímica seja conhecida. Atualmente existem diversos programas computacionais que realizam o alinhamento estrutural de proteínas, entretanto, devido à complexidade destes *softwares*, o uso em sala de aula se torna limitado. Neste contexto, o jogo Foldit[®] pode ser considerado uma excelente opção no ensino de alinhamento estrutural de proteínas, especialmente porque este tema é apresentado em um ambiente de jogo. **OBJETIVO:** Selecionar os quebra-cabeças do modo educacional do jogo Foldit[®], que possuam o alinhamento estrutural de proteínas na resolução do desafio e discutir sua aplicação em sala de aula. **METODOLOGIA:** Foram analisados os 39 quebra-cabeças disponíveis no modo educacional do jogo Foldit[®]. As janelas de dica de jogo foram traduzidas e foram criadas propostas de como o professor pode aplicar os desafios em sala de aula no ensino de alinhamento estrutural de proteínas. **RESULTADOS:** A partir da análise dos quebra-cabeças do modo educacional do Foldit[®], foram selecionados os desafios *Basic threading* (Posicionamento básico) e *Align sequences* (Alinhando sequências). No primeiro quebra-cabeça, o professor pode apresentar a estrutura de uma proteína a ser enovelada e de uma proteína nativa, cuja estrutura conhecida e o painel de alinhamento. Pode discutir conceitos como: a abreviatura dos aminoácidos e os princípios do alinhamento de proteínas. O segundo quebra-cabeça, pode ser usado como atividade em sala de aula, pois corresponde a uma aplicação dos conhecimentos obtidos no desafio anterior. **CONCLUSÃO:** Os quebra-cabeças *Basic threading* e *Align sequences* mostraram ser ferramentas pedagógicas adequadas para o ensino de alinhamento estrutural de proteínas, principalmente por apresentar um nível de complexidade menor e por ocorrer em um ambiente de jogo.

Palavras-chave: Alinhamento de sequência, Aprendizagem interativa, Biologia computacional, Jogos educacionais, Proteínas.