



FOLDIT: PARA O ENSINO DA ESTRUTURA TRIDIMENSIONAL DE PROTEÍNAS UTILIZANDO MODELOS VIRTUAIS

RENATO MASSAHARU HASSUNUMA; WILSON MASSASHIRO YONEZAWA

INTRODUÇÃO: De forma geral, as representações bidimensionais de biomoléculas, utilizadas frequentemente em livros e projeções em sala de aula, são as mais utilizadas no processo de ensino. Com a evolução tecnológica, atualmente já é possível realizar a utilização de imagens tridimensionais em arquivos digitais que podem ser incorporadas em documentos portáteis como PDFs. Entretanto, vale ressaltar que, tanto nas representações bidimensionais estáticas, quando em programas tradicionais de Bioinformática como RasMol, a estrutura observada não é dobrável e é baseada em resultados experimentais. Neste contexto, o jogo Foldit®, apresenta a vantagem de permitir que o jogador modifique a estrutura da proteína em busca da estrutura tridimensional mais próxima da realidade. **OBJETIVO:** O objetivo do presente estudo foi comparar a forma de visualização da estrutura tridimensional de uma proteína utilizando como recursos de ensino um modelo bidimensional estático, um programa de Bioinformática tradicional e o modelo tridimensional dobrável disponível no jogo Foldit®. **METODOLOGIA:** Foi utilizada, como modelo, a molécula da insulina suína. Para visualização bidimensional e estática da proteína foi realizada uma busca de imagens na *Internet*. Para a observação em programas de Bioinformática tradicionais, foi desenvolvido um *script* para o *software* RasMol®. Para visualizar um modelo tridimensional dobrável, foi analisado o quebra-cabeça 32 do modo educacional do jogo Foldit®. **RESULTADO:** No presente estudo, foi utilizado como modelo a molécula de insulina suína. Foi observado que a molécula representada no modo *Spacefill* em uma imagem estática bidimensional, permitiu observar apenas a disposição dos átomos da molécula. Foi desenvolvido um *script* para o *software* RasMol a partir do arquivo 1A7F.pdb, onde foi observada a estrutura secundária da insulina suína, formada por duas cadeias e três alfa-hélices. No jogo Foldit®, foi possível manipular e determinar a estrutura da molécula, baseada na pontuação estabelecida pelo jogo. **CONCLUSÃO:** A comparação dos três modos de visualização da insulina permitiu concluir que o Foldit® permite uma melhor compreensão da estrutura tridimensional da molécula, pois o jogador pode obter diferentes ângulos de visão e modificar sua conformação em busca de uma pontuação mais alta.

Palavras-chave: **BIOQUÍMICA; BIOLOGIA COMPUTACIONAL; ENSINO; JOGOS EDUCACIONAIS; PROTEÍNAS**