

SOFTWARE DE MODELAGEM MOLECULAR NO ENSINO DE MACROMOLÉCULAS

Nível Educacional: Educação Básica e/ou Educação Superior

Eixo Temático: Metodologias/Métodos e Técnicas de Ensino e Aprendizagem

Rodrigues, Aldimar Machado¹

Licenciado em Química; Especialista em Ensino de Química; Mestrando em Química

Rodrigues, Jocelia Silva Machado²

Licenciado em Química; Mestranda em Química

Resumo:

O desenvolvimento tecnológico permite aos profissionais da educação buscarem, cada vez mais, se adequarem ao uso de novas ferramentas na prática pedagógica. Este trabalho objetiva propor o uso de um software livre no ensino de macromoléculas como ácidos nucleicos (DNA e RNA) e proteínas em aulas de Química e Biologia no Ensino Médio e/ou em aulas de Bioquímica em cursos de nível superior. As estruturas moleculares a serem usadas pedagogicamente podem ser construídas de maneira rápida e fácil com o pacote Avogadro. Dentre as estruturas prontas que podem ser acessadas no pacote, incluem-se os açúcares pentoses, os grupos fosfatos e as bases nitrogenadas, permitindo que o usuário escolha o pareamento adequado das bases nitrogenadas e construa fitas de DNA e/ou RNA de maneira relativamente simples. Também estão presentes no pacote estruturas prontas dos vinte aminoácidos essenciais, permitindo a escolha dos aminoácidos e da ordem de conexão entre eles para a construção das mais diversas estruturas de proteínas. A aplicação dessas estruturas como ferramenta didática no ensino de aminoácidos, proteínas e ácidos nucleicos pode facilitar muito o processo de ensino-aprendizagem. A exposição, pelo professor, e a visualização, pelos alunos, da composição a nível atômico das estruturas de DNA e RNA facilitará o entendimento dos átomos e grupos funcionais que os compõem. Muito mais facilmente pode ser compreendido temas como a diferença entre o açúcar desoxirribose do DNA e o açúcar ribose do RNA, a composição atômica de cada uma das bases nitrogenadas e a diferença molecular entre a Timina do DNA e a Uracila do RNA e como se dá a formação das ligações de hidrogênio responsáveis pela conectividade das bases nitrogenadas Adenina-Timina e Citosina-Guanina nas fitas duplas de DNA. De modo semelhante, ilustrações e animações tridimensionais de estruturas proteicas podem facilitar a compreensão dos estudantes e também o trabalho do professor. Neste sentido, a compreensão das características estruturais dos grupos funcionais que compõem os aminoácidos será favorecida, assim como ser avaliadas as diferenças químicas entre estes que interferem em suas características nos sistemas biológicos. A ligação entre os aminoácidos, a partir de ligações peptídicas, para a construção dos peptídeos poderá ser observada em detalhes, assim como os aminoácidos poderão ser observados, isoladamente, para observar a presença de grupos carboxila e amino carregados ou neutros ($-\text{COOH}$ ou $-\text{COO}^-$, $-\text{NH}_2$ ou $-\text{NH}_3^+$), ajudando assim na construção de estruturas que facilitem o estudo das propriedades ácido-base desses componentes. Conceitos de polaridade, fundamentais no estudo de compostos biológicos, são mais facilmente assimilados pela visualização de mapas de potenciais eletrotáticos das estruturas que podem ser gerados no pacote. As ligações peptídicas entre os aminoácidos (grupos α -carboxila com grupo α -amino) têm seu entendimento facilitado pela visualização em nível molecular. Além disso, a exposição das microestruturas proteicas devem levar a um entendimento facilitado de como ocorrem os arranjos estruturais primário, secundário e terciário, bem como as diferenças entre estes.

Palavras-chave: Software; Modelagem; Ensino.

¹ Universidade Federal do Sul e Sudeste do Pará-Unifesspa/Instituto Federal de Educação Ciências e Tecnologia do Pará-IFPA, Marabá-Pará, Aldimar.deus@gmail.com

² Universidade Federal do Sul e Sudeste do Pará-Unifesspa, Marabá-Pará, Jocysmr@gmail.com