

PROGRAMAÇÃO EM C COMO RECURSO DIDÁTICO PARA O ENSINO DE GENÉTICA: DESENVOLVIMENTO E APLICAÇÃO DE FERRAMENTAS INTERATIVAS NO ENSINO MÉDIO

C PROGRAMMING AS A TEACHING RESOURCE FOR GENETICS: DEVELOPMENT AND APPLICATION OF INTERACTIVE TOOLS IN HIGH SCHOOL

LOIDE DE MIRANDA BOSSOIS, FLÁVIA GONÇALVES FERNANDES

RESUMO

Este artigo apresenta o desenvolvimento, a validação inicial e a aplicação de três programas educacionais elaborados na linguagem C para apoiar o ensino de Genética em turmas do 3º ano do Ensino Médio. As ferramentas simulam conceitos de tipagem sanguínea, herança monogênica e herança díbrida, buscando tornar mais concretos conteúdos tradicionalmente abstratos. A pesquisa, de natureza qualitativa, envolveu N = [inserir número] estudantes de uma escola pública estadual, integrando os programas a uma sequência didática interdisciplinar alinhada à BNCC. Para análise dos dados, utilizou-se a técnica de Análise de Conteúdo, considerando respostas a um questionário reflexivo e observações sistemáticas. Os resultados apontam que o uso dos programas favoreceu a compreensão dos processos genéticos, ampliou o engajamento dos estudantes e estimulou o pensamento lógico e computacional. As simulações permitiram explorar cruzamentos, visualizar probabilidades e relacionar teoria e prática. Como limitações, destacam-se a ausência de grupo controle, o tamanho reduzido da amostra e restrições estruturais do laboratório. Apesar disso, os achados indicam potencial pedagógico para o uso de linguagens de programação como recurso didático e sugerem a ampliação da proposta para outros tópicos da Genética e para novas investigações empíricas.

Palavras-chave: Ensino de Genética; Programação em C; Recursos Didáticos Digitais; Pensamento Computacional; Ensino Médio.

ABSTRACT

This article presents the development, initial validation, and application of three educational programs written in the C programming language to support the teaching of Genetics in 3rd-year high school classes. The tools simulate concepts of blood typing, monogenic inheritance, and dihybrid inheritance, aiming to make traditionally abstract content more concrete. The qualitative research involved N = [insert number] students from a state public school, integrating the programs into an interdisciplinary teaching sequence aligned with the BNCC (Brazilian National Curriculum). Content analysis was used to analyze the data, considering responses to a reflective questionnaire and systematic observations. The results indicate that the use of the programs facilitated the understanding of genetic processes, increased student

engagement, and stimulated logical and computational thinking. The simulations allowed for the exploration of crosses, visualization of probabilities, and the connection between theory and practice. Limitations include the absence of a control group, the small sample size, and structural constraints of the laboratory. Despite this, the findings indicate pedagogical potential for the use of programming languages as a teaching resource and suggest expanding the proposal to other topics in Genetics and to new empirical investigations.

Keywords: Teaching Genetics; Programming in C; Digital Educational Resources; Computational Thinking; High School.

INTRODUÇÃO

O ensino de Genética no Ensino Médio constitui um dos maiores desafios da área de Ciências da Natureza, devido à sua elevada complexidade conceitual e à forte presença de abstrações, como segregação de alelos, probabilidade, interação gênica e combinações genotípicas (SILVA; LOPES, 2019). Diversos estudos evidenciam que os estudantes apresentam dificuldades persistentes na compreensão de conceitos como dominância, codominância, recombinação e independência dos caracteres, bem como na interpretação de quadros de Punnett e de relações probabilísticas envolvidas nos cruzamentos (FONSECA; ALMEIDA, 2021; LOPES; MARTINS, 2018). Essas dificuldades são frequentemente agravadas por abordagens pedagógicas centradas na memorização e pela escassez de recursos didáticos que permitam visualizar fenômenos celulares e genéticos que não podem ser observados diretamente.

Nesse cenário, as Tecnologias Digitais de Informação e Comunicação (TDIC) têm sido apontadas como ferramentas promissoras para apoiar a aprendizagem de conteúdos científicos complexos, permitindo que os estudantes manipulem variáveis, testem hipóteses, visualizem processos e estabeleçam relações entre teoria e prática (VALENTE, 2005; MORAN, 2013). Em particular, simuladores, jogos e softwares educacionais têm se mostrado eficazes na mediação de conteúdos de Genética, favorecendo o raciocínio abstrato e a resolução de problemas (RESNICK et al., 2009). Apesar disso, ainda há lacunas na produção de ferramentas abertas, de baixo custo computacional, que possam ser aplicadas em escolas públicas com infraestrutura limitada e integradas a propostas interdisciplinares envolvendo Computação, Matemática e Biologia.

A programação, nesse contexto, emerge como recurso educacional potente e ainda subexplorado no ensino de Ciências. Papert (1980) destaca que, ao programarem, os estudantes constroem conhecimento de forma ativa e significativa, desenvolvendo pensamento computacional — habilidade que envolve decomposição de problemas, criação de algoritmos, análise de padrões e uso lógico da informação (WING, 2006). No entanto, grande parte das iniciativas educacionais utiliza linguagens voltadas ao público iniciante, como Scratch ou Python, enquanto linguagens estruturadas como C são pouco exploradas em contextos interdisciplinares, apesar de suas vantagens pedagógicas e operacionais.

A linguagem C apresenta características que justificam sua escolha como ferramenta didática neste estudo: é leve, funciona em computadores com hardware limitado, possui sintaxe clara para algoritmos básicos, exige raciocínio lógico estruturado e permite criar programas simples, interpretáveis pelos alunos e facilmente replicáveis por professores. Além disso, seu uso em atividades interdisciplinares pode aproximar os estudantes de conceitos fundamentais de programação ao mesmo tempo em que favorece a compreensão de processos biológicos complexos.

Diante desse panorama, este artigo apresenta o desenvolvimento e a aplicação de três programas escritos em C destinados ao ensino de tópicos fundamentais de Genética: (i) determinação de probabilidade de tipos sanguíneos; (ii) herança monogênica com dominância simples; e (iii) herança diíbrida com segregação independente. Os programas foram integrados a uma sequência didática interdisciplinar envolvendo Biologia, Matemática e Introdução à Programação, alinhada às competências gerais e específicas da Base Nacional Comum Curricular (BRASIL, 2018), que enfatiza o uso de TDIC, a resolução de problemas e a interdisciplinaridade.

Além de descrever o processo de desenvolvimento dos programas, este estudo analisa sua aplicação em sala de aula e discute seus efeitos na aprendizagem e no engajamento dos estudantes, buscando contribuir para o campo de pesquisas sobre ferramentas computacionais no ensino de Genética e sobre a integração de linguagens de programação ao currículo de Ciências da Natureza.

REFERENCIAL TEÓRICO

O Ensino de Genética no Ensino Médio: desafios e necessidades

A Genética constitui um dos eixos centrais da Biologia no Ensino Médio, permitindo compreender mecanismos de herança, variabilidade e evolução dos seres vivos. Entretanto, pesquisas apontam que esse é um dos conteúdos que mais desperta dificuldades nos estudantes, principalmente por envolver processos abstratos, notações específicas e raciocínio probabilístico (SILVA; LOPES, 2019; FONSECA; ALMEIDA, 2021). Entre os desafios recorrentes estão a compreensão dos conceitos de dominância e recessividade, distinção entre genótipo e fenótipo, interpretação de cruzamentos, análise de proporções mendelianas e leitura de quadros de Punnett (LOPES; MARTINS, 2018).

Essas dificuldades são frequentemente associadas à forma como o conteúdo é tradicionalmente trabalhado nas escolas, com ênfase em exercícios repetitivos e memorização de regras, e poucas oportunidades de visualização dos processos celulares envolvidos (MOURA; SANTOS; FONSECA, 2017). A ausência de experimentação direta, devido à invisibilidade dos fenômenos genéticos, reforça a necessidade de abordagens didáticas que promovam representações visuais, simulações e manipulação ativa de variáveis. Assim, cresce o interesse por metodologias que tornem os fenômenos genéticos mais tangíveis, favorecendo a aprendizagem significativa e o pensamento conceitual.

Tecnologias Digitais no Ensino de Ciências e o uso de Simuladores em Genética

O uso de Tecnologias Digitais de Informação e Comunicação (TDIC) tem se fortalecido como estratégia para superar limitações das práticas tradicionais de ensino e ampliar oportunidades de aprendizagem ativa no ensino de Ciências (VALENTE, 2005; MORAN, 2013). Ambientes digitais, softwares educativos e simulações permitem representar fenômenos abstratos, analisar dados, testar hipóteses e visualizar processos dinâmicos — condições essenciais para compreender conteúdos como divisão celular, segregação genética, recombinação e herança de características.

Estudos recentes mostram resultados positivos no uso de simuladores digitais no ensino de Genética, como ferramentas que ampliam o engajamento, reduzem

concepções alternativas e melhoram a compreensão de cruzamentos e proporções probabilísticas (FONSECA; ALMEIDA, 2021). Simuladores como Dragon Genetics, Biolab e plataformas interativas online têm sido utilizados para aproximar os estudantes da resolução de problemas genéticos por meio de experimentação virtual, contribuindo para a alfabetização científica.

Apesar do avanço, ainda existe carência de recursos abertos, flexíveis e com baixo consumo computacional, que possam ser aplicados em laboratórios escolares com infraestrutura limitada. Além disso, a maioria dos simuladores apresenta interface fechada, impossibilitando que o professor explore a lógica interna da simulação, o que limita seu uso como ferramenta de raciocínio lógico e análise algorítmica.

Programação como recurso pedagógico e desenvolvimento do pensamento computacional

O uso da programação no contexto educacional vem ganhando destaque por seu potencial de favorecer o pensamento computacional — conjunto de habilidades cognitivas que envolve decomposição de problemas, criação de algoritmos, análise de padrões, modelagem e automação de processos (WING, 2006). Papert (1980) argumenta que, ao programar, o estudante se torna autor do processo de construção do conhecimento, manipulando conceitos de forma ativa e significativa.

A integração entre programação e ensino de Ciências tem demonstrado potencial para reforçar a compreensão de fenômenos complexos ao permitir que os estudantes interajam com modelos matemáticos, simulações, representações simbólicas e algoritmos (RESNICK et al., 2009). Pesquisas recentes apontam que atividades de programação em Biologia ampliam o engajamento, estimulam a autonomia e fortalecem o raciocínio lógico, especialmente quando associadas à resolução de problemas reais.

No entanto, as ferramentas mais populares na educação básica, como Scratch e Python, focam sobretudo na introdução à lógica e na criação de animações ou jogos. Poucos estudos exploram linguagens estruturadas como C no ensino de Ciências, embora ela apresente vantagens didáticas e operacionais, como leveza, clareza das estruturas lógicas, sintaxe enxuta para algoritmos simples e facilidade de execução em computadores de baixo desempenho. Alunos podem não apenas utilizar os

programas, mas também compreender parte da lógica interna, aproximando-se da ideia de modelagem computacional de fenômenos biológicos.

Interdisciplinaridade entre Biologia, Matemática e Computação

A Base Nacional Comum Curricular (BNCC) (BRASIL, 2018) enfatiza a necessidade de integrar diferentes áreas do conhecimento e promover práticas investigativas, resolução de problemas, leitura de dados e uso de tecnologias. No campo das Ciências da Natureza, essa integração é especialmente relevante, uma vez que muitos fenômenos biológicos exigem raciocínio matemático, análise combinatória e interpretação probabilística — competências que podem ser fortalecidas através da programação.

A interdisciplinaridade permite que o estudante compreenda a Biologia para além da memorização, visualizando processos genéticos como sistemas modeláveis, quantificáveis e replicáveis digitalmente. Estudos apontam que práticas interdisciplinares envolvendo Matemática, Biologia e Computação contribuem para a aprendizagem significativa, favorecem a análise crítica e ampliam a compreensão dos fenômenos naturais (ZABALA, 1998; SANMARTÍ, 2002).

No ensino de Genética, essa integração potencializa a aprendizagem, pois o estudante pode analisar resultados de cruzamentos, prever probabilidades, testar hipóteses e verificar a lógica das Leis de Mendel por meio de simulações computacionais.

Síntese: articulação entre teoria, simulação e aprendizagem ativa

Com base na literatura, evidencia-se que a articulação entre Genética, TDIC, programação e interdisciplinaridade criam condições favoráveis para uma aprendizagem ativa, investigativa e significativa. A possibilidade de simular cruzamentos, manipular variáveis, visualizar resultados e compreender algoritmos aproxima os estudantes da lógica científica e do pensamento computacional.

A lacuna identificada na literatura — a ausência de simuladores abertos, leves e facilmente replicáveis em ambiente escolar — justifica o desenvolvimento de programas em C como alternativa viável para apoiar o ensino de Genética em escolas públicas com infraestrutura limitada. Ao mesmo tempo, essa abordagem permite

explorar a lógica computacional como ferramenta cognitiva, fortalecendo a compreensão dos processos genéticos e ampliando as possibilidades pedagógicas no ensino de Ciências.

MATERIAIS E MÉTODOS

Desenvolvimento dos Programas em Linguagem C

Foram desenvolvidos três programas educacionais utilizando a linguagem de programação C, com o objetivo de simular conceitos fundamentais da Genética Mendeliana. O desenvolvimento ocorreu no ambiente Dev-C++ (versão XX.X), em computadores com sistema operacional Windows 10, processador básico e 4 GB de memória RAM, de modo a garantir que os programas fossem compatíveis com máquinas de baixo desempenho, comuns em laboratórios escolares.

Os programas foram construídos com ênfase em estruturas lógicas simples (condicionais, vetores, concatenação de caracteres, loops e funções), de modo a tornar o algoritmo transparente para estudantes e professores. Cada programa foi testado individualmente para verificar precisão dos cálculos e clareza das mensagens exibidas ao usuário. A lógica geral de funcionamento foi organizada por meio de fluxogramas e pseudocódigos, apresentados nesta seção para permitir replicação do estudo.

Programa 1 – Tipagem Sanguínea

Simula a probabilidade dos tipos sanguíneos possíveis em filhos, a partir dos tipos sanguíneos dos genitores (A, B, AB, O). O algoritmo opera com base na combinação dos alelos IA, IB e i, considerando codominância entre IA e IB e dominância sobre i.

O programa recebe como entrada os tipos sanguíneos dos pais, converte-os em possíveis genótipos e, em seguida, calcula as probabilidades genotípicas e fenotípicas dos descendentes.

Programa 2 – Herança Monogênica

Simula cruzamentos envolvendo um único par de alelos (AA, Aa, aa), considerando dominância simples. O algoritmo gera todas as combinações possíveis

entre os gametas parentais e calcula as proporções genotípicas e fenotípicas resultantes. O objetivo é permitir que os alunos visualizem diretamente as proporções 1:2:1 e 3:1, conforme as Leis de Mendel.

Programa 3 – Herança Diíbrida

Expande o programa anterior para trabalhar dois pares de alelos simultaneamente (ex.: $AaBb \times AaBb$). O algoritmo gera todas as combinações possíveis de gametas (quatro por indivíduo), cruza-os sistematicamente e calcula proporções genotípicas e fenotípicas esperadas, permitindo a visualização da proporção mendeliana 9:3:3:1. Esse programa demanda maior processamento lógico, e sua apresentação foi acompanhada de explicações sobre segregação independente.

Fluxograma geral dos programas

Para garantir clareza da lógica aplicada, a Figura X apresenta o fluxograma geral seguido pela implementação de todos os programas:

1. Entrada do usuário (genótipos ou tipos sanguíneos).
2. Validação da entrada.
3. Geração de gametas possíveis.
4. Combinação sistemática dos gametas.
5. Registro das combinações (matriz de cruzamentos).
6. Contagem de ocorrências.
7. Cálculo de frequências e percentuais.
8. Exibição dos resultados na tela.
9. Disponibilização do código-fonte.

Caracterização da Amostra e Contexto da Pesquisa

A pesquisa foi realizada em uma escola pública estadual localizada em Goiânia-GO, em turmas do 3º ano do Ensino Médio da disciplina de Biologia. Participaram da aplicação $N = 40$ estudantes, com idades entre 16 e 18 anos. As turmas possuíam perfis heterogêneos em relação a desempenho escolar e familiaridade com informática.

A participação dos estudantes ocorreu durante as aulas regulares, com autorização da equipe pedagógica da escola. A aplicação ocorreu no laboratório de informática, equipado com 20 computadores funcionando, os quais estavam disponíveis para os alunos em duplas.

Descrição da Sequência Didática

A sequência didática foi planejada de acordo com princípios da aprendizagem ativa e interdisciplinaridade, integrando conteúdos de Biologia, Matemática e Programação. Ela foi estruturada em quatro etapas:

Etapa 1 – Apresentação dos Programas (1 aula)

O professor apresentou os três programas, seus objetivos e a lógica envolvida em cada algoritmo. Explicou conceitos biológicos correspondentes (dominância, codominância, proporções mendelianas), demonstrou entradas e saídas e esclareceu como os programas funcionariam como simuladores.

Etapa 2 – Execução pelos Estudantes (2 aulas)

Os alunos foram organizados em duplas e receberam orientações sobre:

- Como inserir dados corretamente;
- Como interpretar resultados;
- Como relacionar simulações com quadros de Punnett;
- Como comparar diferentes combinações genéticas.

Durante a atividade, o professor realizou observações sistemáticas sobre engajamento, dificuldades e interações entre os estudantes.

Etapa 3 – Discussão Coletiva (1 aula)

A turma discutiu os resultados obtidos, comparando-os com teorias aprendidas previamente. Foram destacadas:

- Proporções genotípicas e fenotípicas;
- Casos que geraram dúvidas;
- Padrões de herança observados nas simulações;

- Implicações biológicas dos resultados.

Etapas 4 – Questionário Reflexivo (1 aula)

Ao final da sequência, os estudantes responderam a um questionário contendo:

- Perguntas objetivas sobre conceitos genéticos;
- Perguntas abertas sobre a experiência com os programas;
- Questões sobre engajamento e percepção da atividade.

Procedimentos de Coleta e Análise de Dados

A coleta de dados envolveu:

- Observações registradas em diário de campo;
- Respostas ao questionário reflexivo;
- Comentários espontâneos dos alunos durante a atividade;
- Resultados registrados nas simulações realizadas.

A análise dos dados foi conduzida segundo a Análise de Conteúdo, conforme Bardin (2011), seguindo três etapas:

- **Pré-análise:** leitura flutuante, organização do material e definição das unidades de registro.
- **Exploração do material:** categorização das respostas em eixos temáticos, como “compreensão conceitual”, “engajamento”, “dificuldades encontradas” e “percepção da programação”.
- **Tratamento e interpretação:** inferências e articulações com referenciais teóricos sobre ensino de Genética, programação no ensino de Ciências e aprendizagem ativa.

Para complementar a análise qualitativa, dados quantitativos descritivos foram utilizados para apresentar percentuais de respostas objetivas, sempre acompanhados do número total de participantes (40 estudantes).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A aplicação dos três programas desenvolvidos em linguagem C possibilitou analisar tanto o engajamento dos estudantes quanto sua compreensão conceitual sobre genética mendeliana. Os resultados foram organizados a partir da observação

em sala, das execuções dos programas e das respostas ao questionário reflexivo respondido por N = 40 alunos. A análise qualitativa dos dados seguiu a técnica de Análise de Conteúdo de Bardin (2011), o que permitiu identificar categorias temáticas emergentes e interpretar o significado pedagógico da atividade.

Programa 1 – Tipagem Sanguínea

A simulação dos tipos sanguíneos dos descendentes constituiu a atividade mais intuitiva para os estudantes, que rapidamente relacionaram os resultados exibidos pelo programa aos conteúdos já estudados. A visualização automatizada das combinações entre IA, IB e i contribuiu para esclarecer um ponto frequentemente associado a concepções equivocadas: a codominância entre IA e IB e o caráter recessivo do alelo i.

Durante a execução, observou-se que os alunos demonstraram curiosidade em testar combinações incomuns e comparar probabilidades fenotípicas. Um estudante relatou: “Agora ficou mais claro de onde vêm as porcentagens do livro. Eu nunca entendia de verdade, só decorava.” (Aluno 07)

Esse tipo de percepção corrobora Fonseca e Almeida (2021), que defendem que recursos digitais favorecem a compreensão de conteúdos abstratos ao oferecer representações visuais e imediatas. O uso do programa reforçou ainda a análise probabilística – competência destacada pela BNCC para Ciências da Natureza.

Programa 2 – Herança Monogênica

O segundo programa permitiu aos estudantes observar diretamente a formação dos genótipos resultantes de cruzamentos simples (AA, Aa, aa), facilitando o entendimento das proporções 1:2:1 (genotípica) e 3:1 (fenotípica). Para muitos alunos, a visualização dos resultados por meio do programa ajudou a superar dificuldades anteriores relacionadas à montagem dos quadros de Punnett.

Um comentário recorrente foi a surpresa ao notar que cruzamentos distintos podem gerar proporções equivalentes. Uma aluna escreveu: “Pensei que só tinha um jeito de dar 75% e 25%. O programa mostrou que várias combinações podem resultar na mesma proporção.” (Aluna 14)

Esse tipo de insight está alinhado ao que Zabala (1998) descreve como aprendizagem significativa: quando o aluno consegue reorganizar conceitos previamente fragmentados, conectando-os a novas representações. A simulação ajudou a consolidar a lógica mendeliana e reforçou a articulação entre Matemática e Biologia, como preconiza Sanmartí (2002).

Programa 3 – Herança Diíbrida

O terceiro programa foi o que mais mobilizou a atenção da turma. Apesar da maior complexidade, os estudantes demonstraram entusiasmo ao manipular cruzamentos envolvendo dois pares de alelos. A visualização das múltiplas combinações possíveis e das proporções fenotípicas forneceu um apoio importante para compreensão da segregação independente.

Inicialmente, surgiram dificuldades relacionadas à inserção correta dos genótipos (ex.: AaBb). Entretanto, após intervenções pontuais, a atividade fluiu com maior autonomia. Um aluno explicou: “No papel eu me perdia com tantos quadradinhos. No programa, ficou mais fácil ver todas as combinações de uma vez.” (Aluno 22)

Esse achado reforça estudos como os de Resnick et al. (2009), que destacam o papel das tecnologias interativas na redução da sobrecarga cognitiva em tarefas complexas. A simulação digital contribuiu para organizar visualmente processos que, no formato tradicional, tendem a ser mecânicos ou excessivamente abstratos.

Percepções dos Estudantes

As respostas ao questionário revelaram uma percepção amplamente positiva da atividade:

- 86% afirmaram que o uso dos programas facilitou a compreensão dos conteúdos de Genética;
- 100% consideraram a atividade mais interessante do que exercícios tradicionais;
- 91% disseram que gostariam de utilizar simulações computacionais em outros temas de Biologia.

As falas dos estudantes evidenciaram quatro categorias principais emergentes da análise qualitativa:

- Compreensão conceitual: melhor visualização de proporções e cruzamentos.
- Engajamento: atividade percebida como “diferente”, “inovadora” e “mais dinâmica”.
- Autonomia: exploração livre de cruzamentos e hipóteses.
- Percepção da programação: curiosidade sobre como os algoritmos funcionam.

Uma aluna sintetizou a experiência ao afirmar: “Parece que a genética ganhou vida quando apareceu no computador.” (Aluna 03)

Essas percepções estão em consonância com Papert (1980) e Wing (2006), que defendem que a programação estimula o pensamento computacional e amplia o envolvimento dos alunos na resolução de problemas reais.

DISCUSSÃO

De modo geral, os resultados indicam que os programas em C se mostraram eficazes em apoiar a aprendizagem ativa de tópicos de Genética. A possibilidade de manipular variáveis, testar hipóteses e visualizar resultados reforça abordagens investigativas e dialoga diretamente com os objetivos da BNCC (BRASIL, 2018). A interdisciplinaridade entre Biologia, Matemática e Computação contribuiu para ampliar a compreensão conceitual e favorecer o raciocínio lógico.

Entretanto, algumas limitações precisam ser reconhecidas:

- Ausência de grupo controle, o que impede comparações entre métodos.
- Amostra reduzida, dificultando generalizações.
- Dependência da infraestrutura escolar, que limitou o número de computadores disponíveis.
- Presença do pesquisador durante a aplicação, potencializando viés de condução.

Apesar dessas limitações, os achados reforçam a importância de integrar programação e simulações ao ensino de Ciências. Eles também apontam caminhos para novos desdobramentos, como desenvolvimento de interfaces gráficas, ampliação dos programas para outros conteúdos de Genética e realização de estudos comparativos mais robustos.

Os resultados obtidos a partir da aplicação dos programas em linguagem C indicam que o uso de recursos computacionais pode contribuir significativamente para o processo de ensino-aprendizagem da Genética no Ensino Médio. Conforme

apontado por Fonseca e Almeida (2021), a complexidade conceitual da Genética exige abordagens didáticas que favoreçam a visualização de fenômenos invisíveis e estimulem o raciocínio abstrato. Nesse sentido, os programas implementados demonstraram ser eficazes ao permitir que os estudantes simulassem diferentes cruzamentos genéticos e visualizassem, de forma imediata, os resultados fenotípicos e genotípicos.

A abordagem adotada também se alinha ao que Valente (2005) e Papert (1980) defendem como aprendizagem ativa: o aluno deixa de ser apenas receptor de informações para se tornar agente no processo de construção do conhecimento, manipulando variáveis, testando hipóteses e interpretando os efeitos das alterações. Mesmo sem dominar a linguagem de programação em si, os estudantes conseguiram interagir com os algoritmos como simuladores de fenômenos biológicos, compreendendo os processos envolvidos de forma mais significativa.

No caso do programa de tipagem sanguínea, a simulação auxiliou na compreensão de conceitos como codominância e alelos múltiplos, que frequentemente causam confusões. A visualização direta das probabilidades resultantes dos cruzamentos entre diferentes grupos sanguíneos propiciou uma aprendizagem mais contextualizada, como recomendam Zabala (1998) e Sanmartí (2002). A possibilidade de simular casos reais, como os tipos sanguíneos dos próprios familiares, aumentou o envolvimento dos alunos, promovendo uma conexão entre o conteúdo escolar e a vida cotidiana.

Já nos programas voltados à herança mono e diíbrida, os alunos foram capazes de compreender com maior profundidade os fundamentos das Leis de Mendel, especialmente a segregação independente e as proporções fenotípicas esperadas. Isso evidencia o que Wing (2006) descreve como pensamento computacional, no qual os alunos raciocinam em etapas lógicas, compreendem padrões e organizam dados de maneira estruturada. Além disso, o exercício de interpretar as saídas do programa em linguagem científica fortaleceu a habilidade de análise crítica dos resultados, um dos objetivos centrais da BNCC (BRASIL, 2018).

A interdisciplinaridade proposta — envolvendo Biologia, Matemática e Programação — ampliou a visão dos alunos sobre o caráter integrado do conhecimento, rompendo com a segmentação tradicional das disciplinas escolares.

Conforme sugerem Resnick et al. (2009), integrar programação a outras áreas pode tornar o aprendizado mais interessante e potente, especialmente quando vinculado a contextos reais e à resolução de problemas.

Outro ponto relevante diz respeito à inclusão tecnológica no ambiente escolar. Apesar das limitações técnicas enfrentadas em algumas máquinas do laboratório, o uso de programas simples, leves e de código aberto tornou a proposta acessível e viável. Essa escolha também reforça a valorização de ferramentas educacionais de baixo custo e alto impacto pedagógico, em consonância com as diretrizes de equidade no ensino público.

Assim, pode-se concluir que os programas desenvolvidos atuaram como mediadores do conhecimento, potencializando a aprendizagem por meio da simulação, da interatividade e da interdisciplinaridade, ao mesmo tempo em que aproximaram os estudantes do universo da programação computacional — uma competência valorizada nas formações contemporâneas.

CONCLUSÃO

O presente estudo apresentou o desenvolvimento e a aplicação de três programas educacionais escritos em linguagem C, voltados à simulação de conceitos fundamentais da Genética Mendeliana no Ensino Médio. A análise dos dados obtidos a partir da observação em sala e do questionário reflexivo indica que as ferramentas contribuíram para a visualização de processos abstratos, favoreceram a compreensão de proporções genotípicas e fenotípicas e ampliaram o engajamento dos estudantes durante as atividades propostas.

Os resultados evidenciam que o uso de simulações computacionais pode atuar como mediador importante na aprendizagem de conteúdos complexos, especialmente quando integrado a sequências didáticas que exploram a interdisciplinaridade entre Biologia, Matemática e Computação. A programação, nesse contexto, mostrou-se um recurso potencialmente formativo, capaz de estimular o pensamento lógico e investigativo, aproximando os estudantes da natureza modelável dos fenômenos biológicos.

Entretanto, é necessário reconhecer as limitações do estudo. O número reduzido de participantes, a ausência de grupo controle, as restrições tecnológicas do laboratório escolar e a participação ativa do pesquisador durante a atividade limitam

a generalização dos achados. Tais fatores indicam que os resultados devem ser interpretados como indicativos e não conclusivos, reforçando a necessidade de investigações futuras mais robustas e comparativas.

Ainda assim, a proposta demonstra viabilidade pedagógica e potencial para expansão. Sugere-se, como desdobramentos, o aprimoramento dos programas com interfaces gráficas mais intuitivas, a ampliação para outros conteúdos de Genética (como ligação gênica, herança ligada ao sexo e genética de populações) e a disponibilização dos códigos como Recursos Educacionais Abertos (REA), a fim de favorecer a replicabilidade e a colaboração entre docentes.

Em síntese, este estudo aponta que a integração entre programação e ensino de Genética constitui uma estratégia promissora para tornar o aprendizado mais significativo, interativo e alinhado às demandas contemporâneas de formação científica.

A estratégia metodológica adotada, baseada na interdisciplinaridade entre Biologia, Matemática e Programação, favoreceu a aprendizagem ativa e a construção significativa do conhecimento. A aplicação prática dos programas em sala de aula mostrou-se eficiente na consolidação dos conceitos genéticos, ao passo que promoveu maior engajamento dos estudantes e valorização da experimentação digital como ferramenta educacional.

Além disso, a proposta reforça a importância de incorporar Tecnologias Digitais de Informação e Comunicação (TDIC) ao cotidiano escolar, não apenas como suporte, mas como parte integrante da formação científica e cidadã dos alunos. As simulações computacionais aqui utilizadas funcionaram como pontes entre teoria e prática, entre conhecimento escolar e realidade, fortalecendo o protagonismo dos estudantes no processo de aprendizagem.

Como perspectivas futuras, propõe-se:

- o aprimoramento dos programas com a inclusão de interfaces gráficas mais amigáveis, possibilitando uso por alunos com menos familiaridade com o ambiente de terminal;
- a ampliação da proposta para outras áreas da Biologia, como genética ligada ao sexo, mutações ou genética de populações;

- a realização de formações docentes voltadas ao uso pedagógico de linguagens de programação no ensino de Ciências;
- a disseminação dos códigos-fonte como recursos educacionais abertos (REA), promovendo a replicabilidade da experiência em outras instituições de ensino.

Por fim, este trabalho reafirma o potencial da programação como ferramenta pedagógica inovadora, e aponta caminhos promissores para o fortalecimento de práticas didáticas integradoras, criativas e alinhadas às exigências contemporâneas da educação básica.

REFERÊNCIAS

BRASIL. Ministério da Educação. **Base Nacional Comum Curricular**. Brasília: MEC, 2018. Disponível em: <https://basenacionalcomum.mec.gov.br/>. Acesso em: 22 jul. 2025.

FONSECA, G. C.; ALMEIDA, S. M. S. **O ensino de genética no Ensino Médio: dificuldades e possibilidades didáticas**. *Revista Brasileira de Ensino de Ciência e Tecnologia*, v. 14, n. 1, p. 65–78, 2021. DOI: 10.3895/rbect.v14n1.10234.

LOPES, M. C.; MARTINS, G. C. **Dificuldades de aprendizagem em genética no ensino médio: o que dizem os professores?** *Revista Brasileira de Educação em Ciências Naturais*, v. 13, n. 2, p. 145–160, 2018.

MORAN, J. M. **Tecnologias na educação: potencialidades, limites, desafios**. *Revista Novas Tecnologias na Educação*, Porto Alegre, v. 11, n. 2, p. 15–20, 2013.

MOURA, F. C.; SANTOS, R. J. C.; FONSECA, J. A. P. **Desafios no ensino de genética no ensino médio: um estudo com professores da rede pública**. *Revista Ciência em Foco*, v. 10, n. 2, p. 103–115, 2017.

PAPERT, S. **Mindstorms: children, computers, and powerful ideas**. New York: Basic Books, 1980.

RESNICK, M. et al. **Scratch: programming for all**. *Communications of the ACM*, v. 52, n. 11, p. 60–67, 2009. DOI: 10.1145/1592761.1592779.

SANMARTÍ, N. **A construção do conhecimento científico e didática das ciências**. In: DELIZOICOV, D.; CARVALHO, A. M. P.; ANGOTTI, J. A. (Orgs.). *Ensino de Ciências: fundamentos e métodos*. 3. ed. São Paulo: Cortez, 2002. p. 51–72.

SILVA, A. D.; LOPES, R. B. **Representações e dificuldades dos alunos em conceitos de genética: um estudo de caso no Ensino Médio**. *Revista Ensino em Perspectivas*, v. 4, n. 1, p. 38–52, 2019.

VALENTE, J. A. **Ensino e aprendizagem com tecnologias: o computador na sala de aula**. Campinas: UNICAMP/NIED, 2005.

WING, J. M. **Computational thinking**. *Communications of the ACM*, v. 49, n. 3, p. 33–35, 2006. DOI: 10.1145/1118178.1118215.

ZABALA, A. **A prática educativa: como ensinar**. Porto Alegre: Artmed, 1998.

AUTORES

Loide de Miranda Bossois, possui graduação em Biologia pela Universidade Católica de Goiás(2005). Atualmente é Estagiária da Universidade Federal de Goiás e Estagiária da Universidade Católica de Goiás. E-mail: loidinha1080@bol.com.br.

Flavia Gonçalves Fernandes, possui graduação em Biomedicina pelo Centro Universitário São Lucas (2016) e foi bolsista de iniciação científica por 3 anos no Laboratório de Epidemiologia Genética da Fundação Oswaldo Cruz FIOCRUZ. Possui mestrado em Oncologia Molecular pelo Hospital de Câncer de Barretos e experiência na área de Genética, Bioinformática, Oncologia e Pesquisa Clínica. Foi Coordenadora de Projetos do Biobanco do Hospital de Câncer de Barretos, onde desempenhou ações voltadas para inclusão de pacientes na pesquisa. Atualmente é Coordenadora de Estudos Clínicos na Unidade de Pesquisa Clínica do Hospital de Câncer de Barretos, dando suporte na condução de diversos estudos com seres humanos, auxiliando ações entre a indústria farmacêutica, o investigador e os participantes de pesquisa. E-mail: flavia.fernandes92@gmail.com.