



16º Congresso de Inovação, Ciência e Tecnologia do IFSP - 2025

GENETOOLS: FACILITANDO O APRENDIZADO DA GENÉTICA ATRAVÉS DE SIMULADORES DE CRUZAMENTOS NO ENSINO MÉDIO.

STEPHANY M. DOS SANTOS¹; ÉRICO S. VERISCIMO².

1 Estudante do curso técnico integrado ao ensino médio em Informática para Internet campus avançado São Paulo/São Miguel Paulista. s.stephany.ifsp@gmail.com

2 Doutor em Sistemas de Informação, professor EBTT do IFSP campus avançado São Paulo/São Miguel Paulista. veriscimo.erico@ifsp.edu.br

Área do conhecimento (Tabela CNPq): 7.08.04.03-6 Tecnologia Educacional

RESUMO: O uso de tecnologias educacionais inovadoras pode impactar significativamente o desempenho acadêmico, auxiliando na fixação dos conteúdos e no desenvolvimento de habilidades cognitivas e sociais. No ensino de genética, onde conceitos abstratos e cálculos complexos podem representar desafios para os estudantes, a interatividade proporcionada por ferramentas digitais facilita a compreensão e torna o aprendizado mais intuitivo. Este projeto apresenta o desenvolvimento de um software de simulação de cruzamentos genéticos para auxiliar o aprendizado na disciplina, proporcionando uma experiência visual interativa que integre teoria e prática. A proposta busca suprir a carência de ferramentas que auxiliem os docentes no ensino de genética, tornando as aulas mais dinâmicas e estimulando o interesse dos discentes. Com isso, espera-se minimizar as dificuldades enfrentadas pelos estudantes, tornando o aprendizado mais acessível e envolvente. Além da criação do software, o projeto também se dedica à análise da aplicabilidade da ferramenta no ensino. A partir dessa avaliação, será possível mensurar sua eficácia na aprendizagem e sua contribuição para metodologias educacionais mais eficientes. Assim, espera-se que a solução desenvolvida não apenas facilite a assimilação dos conteúdos, mas também impulse novas abordagens para o ensino da genética.

PALAVRAS-CHAVE: genética; ensino; simulador; web; desenvolvimento.

GENETOOLS: FACILITATING LEARNING OF GENETICS THROUGH CROSS-BREEDING SIMULATORS IN HIGH SCHOOL.

ABSTRACT: The use of innovative educational technologies can significantly impact academic performance by supporting content retention and the development of cognitive and social skills. In genetics education, where abstract concepts and complex calculations often pose challenges to students, the interactivity offered by digital tools facilitates understanding and makes learning more intuitive. This project presents the development of a genetic cross-simulation software designed to assist learning in this subject, providing an interactive visual experience that integrates theory and practice. The proposal aims to address the lack of tools that support teachers in teaching genetics, making classes more dynamic and stimulating students' interest. Consequently, it is expected to reduce the difficulties faced by learners, making the learning process more accessible and engaging. In addition to the software's creation, the project also focuses on analyzing the tool's applicability in education. Through this evaluation, it will be possible to measure its effectiveness in learning and its contribution to more efficient educational methodologies. Thus, the developed solution is expected not only to facilitate content assimilation but also to promote new approaches to genetics teaching.

KEYWORDS: genetics; teaching; simulator; web; development.

INTRODUÇÃO

A genética pode ser considerada um dos temas mais complexos dentro da Biologia, sendo fundamental para a compreensão da hereditariedade, das mutações e das interações entre genes e ambiente. Logo, sua complexidade apresenta desafios para os estudantes. Segundo um estudo com alunos do 3º ano do ensino médio de Pedrancini et al. (2007), os participantes relataram dificuldades em assimilar conceitos básicos da disciplina, evidenciando lacunas no aprendizado.

A dificuldade no aprendizado da genética é refletida no desempenho dos alunos em avaliações e vestibulares. De acordo com Diniz et al. (2023), questões de genética estão presentes em vestibulares de grande relevância. Embora não haja dados exatos sobre as taxas de acertos nesses exames, pesquisas indicam que o déficit na educação genética compromete o desempenho.

Outro fator dificultante no ensino é a desmotivação e falta de engajamento, impactando diretamente o desempenho dos alunos. Para reverter essa situação, a adoção de metodologias inovadoras, como o uso de tecnologias educacionais, tem sido defendida. Segundo Oliveira (2018), os jogos proporcionam um aumento de interesse e engajamento, merecendo ser vistos de forma especial pelo sistema de ensino. O uso de ferramentas interativas, como jogos e simuladores, possibilita que os professores tornem as aulas mais dinâmicas e envolventes, aproximando os estudantes da prática e consolidando o aprendizado.

Diante desse contexto, este projeto propõe o desenvolvimento de um simulador genético, com o objetivo de oferecer uma ferramenta que auxilie tanto docentes quanto discentes, promovendo um aprendizado mais dinâmico e interativo.

FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

Em uma revisão bibliográfica foram encontradas algumas ferramentas que tentam resolver o problema proposto, tais como o Geneticats (Madureira et al., 2018) – um jogo digital educativo voltado para o ensino de genética, com interface visual atraente que facilita a experiência do usuário, mas que apresenta limitações didáticas por abordar cruzamentos genéticos de forma simplificada e, por exemplo, não considerar variáveis como o gênero – e o Alelotório (Pessoa et al., 2021) – um simulador didático mais complexo, capaz de analisar múltiplos fenótipos e com maior aplicabilidade em contexto acadêmico, mas cuja interface pouco intuitiva dificulta a autonomia do estudante, tornando seu uso dependente de explicações extensas por parte do docente. Ambos os softwares, contudo, não estão mais disponíveis para uso.

Nenhum deles possui recursos de acessibilidade e fácil acesso para o público, funcionalidades essenciais para atender às necessidades deste trabalho. Assim, a proposta do GeneTools é desenvolver uma solução didática, interativa e de fácil utilização, que auxilie no ensino e aprendizado de conceitos de genética por meio de simulações claras, resultados probabilísticos e interface amigável, tornando o conteúdo acessível a um público mais amplo e inclusivo.

MATERIAL E MÉTODOS

Para o desenvolvimento do projeto foi realizado uma análise de ferramentas já existentes, como Geneticats (Madureira et al., 2018) e o Alelotório (Pessoa et al., 2021). Portanto, buscando suprir lacunas deixadas por essas ferramentas, optamos pelo desenvolvimento de uma plataforma Web, buscando autonomia para os estudantes, acessibilidade e facilidade para manutenção.

A seguir, apresentamos os requisitos funcionais e não funcionais, que servirão de base para o desenvolvimento do sistema GeneTools, garantindo que suas funcionalidades e restrições estejam claramente definidas.

Tabela de requisitos funcionais e não funcionais			
ID	Titulo	Tipo	Descrição
RF01	Seleção de espécies	Funcional	O sistema deve permitir a seleção de uma opção de espécie para simulação
RF02	Seleção de características parentais	Funcional	O sistema deve permitir a escolha das cores e alelos dos pais
RF03	Geração de combinações genéticas	Funcional	O sistema deve calcular e apresentar as possíveis combinações genéticas da prole
RF04	Exibição de probabilidades	Funcional	O sistema deve mostrar a probabilidade percentual de cada fenótipo possível para cada simulação.
RF05	Exibição de explicação	Funcional	O sistema deve mostrar a explicação de como ocorre o cálculo das probabilidades
RNF01	Usabilidade	Não funcional	A interface deve ser intuitiva e fácil de usar, mesmo para usuários sem conhecimento.
RNF02	Performance	Não funcional	O tempo de cálculo das simulações não deve ultrapassar 3 segundos.
RNF03	Compatibilidade	Não funcional	O sistema deve funcionar em todos os navegadores e em dispositivos móveis.
RNF04	Responsividade	Não funcional	A interface deve se adaptar a diferentes tamanhos de tela.
RNF05	Manutenibilidade	Não funcional	O código deve ser estruturado de forma a permitir fácil atualização e correção de erros.

FIGURA 1. Tabela de requisitos funcionais e não funcionais.

Diante desse contexto, este projeto propõe o desenvolvimento de um novo simulador de cruzamentos genéticos que alie um design intuitivo e uma abordagem didática eficiente. O objetivo é oferecer uma ferramenta que auxilie tanto docentes quanto discentes, promovendo um aprendizado mais dinâmico e interativo. O software está sendo desenvolvido considerando os principais desafios enfrentados pelos alunos, priorizando conceitos que apresentam maior grau de dificuldade.

Com o propósito de alcançar o objetivo central, algumas outras atividades se mostram essenciais, como pesquisas de campo com a avaliação de métodos de melhor obtenção de dados relacionados à eficiência do simulador em desenvolvimento, levantamento de necessidades do software, entre outros. As ferramentas e tecnologias que estão sendo utilizadas para o desenvolvimento e coleta de dados são: Visual Studio Code, HTML, CSS, JavaScript, BootStrap, Google Planilhas e Google Forms. Além de navegadores web para testar o funcionamento e aplicação em diferentes interfaces e provedores.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Nas reuniões de desenvolvimento, traçamos as metas e caminhos que nortearam o projeto, além de desenvolver as funcionalidades (implementação dos requisitos funcionais), estruturas básicas e documentação do software.

Foi desenvolvido uma versão preliminar do GeneTools que possibilita que os alunos realizem cruzamentos genéticos de forma intuitiva. Nas simulações implementadas, o sistema permite selecionar espécies (gato, cachorro e coelho) e alelos - por meio de cores - para gerar automaticamente a tabela de Punnet (Tabela 1), exibindo as proporções fenotípicas e fornecendo explicações complementares. Por exemplo, ao cruzar Gato Aa x Aa, o simulador retorna 25% AA (amarelo), 50% Aa (preto) e 25% aa (marrom), reforçando visualmente as leis de Mendel[4] (Figura 2 e Figura 3).

Alelos	A	a
A	AA	Aa
a	Aa	aa

TABELA 1. Exemplo da tabela de Punnet

SIMULADOR DE GENÉTICA

Escolha o animal:

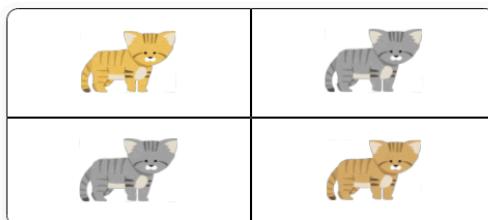
Gato

Escolha as cores/Alelos:

Cinza/Aa

Cinza/Aa

Combinar



*Passe o mouse sobre as imagens para ver os alelos

FIGURA 2. Exemplo de uso do simulador

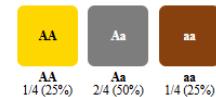
EXPLICAÇÃO

4º Passo

No terceiro passo, analisamos o fenótipo e o genótipo:

Genótipo: a composição genética de um indivíduo (por exemplo, AA, Aa ou aa).

Fenótipo: a característica observável resultante do genótipo, como a cor do pelo.



Os alelos dominantes (A) determinam o fenótipo mesmo quando presentes em apenas uma cópia (Aa), enquanto os recessivos (a) só se manifestam quando duplicados (aa).

Próximo passo

Passo anterior

FIGURA 3. Continuação do exemplo de uso

Todo o software foi desenvolvido buscando torná-lo didático, agradável e chamativo para o público alvo. Para tal planejamento e execução, foi utilizado a ferramenta Figma[2], auxiliando na elaboração de cada ponto do design. A figura 4 apresenta a prototipagem realizada pela ferramenta Figma .

FIGURA 4. Protótipo feito no Figma

A seguir apresentamos uma versão resumida do algoritmo da estrutura principal do simulador, (em pseudo linguagem) responsável pelas combinações genéticas e apresentação das explicações

(Figura 6). Este serviu de base para a implementação do código em JavaScript, além de ser essencial para a manutenção do mesmo, auxiliando e documentando o funcionamento.

```

Algoritmo SimuladorGenetico
Var
    cor_pai, cor_mae, animal: CARACTERE
    alelos_pai, alelos_mae:
    vetor[1..2] de CARACTERE
    cruzamentos: vetor[1..4] de CARACTERE
    imagens: vetor[1..4] de CARACTERE
    contagem_AA, contagem_Aa, contagem_aa: INTEIRO

    // Função que retorna alelos com base na cor
    Funcao ObterAlelos(cor: CARACTERE): vetor[1..2] de
    CARACTERE
        Se cor = "amarelo" então retorna ["A", "A"]
        Senão se cor = "preto" então retorna ["A", "a"]
        Senão retorna ["a", "a"]
    FimFuncao

    // Procedimento principal de simulação
    Procedimento Simular()
        animal <- LerEntrada("animal")
        cor_pai <- LerEntrada("cor do pai")
        cor_mae <- LerEntrada("cor da mãe")

        alelos_pai <- ObterAlelos(cor_pai)
        alelos_mae <- ObterAlelos(cor_mae)

        contagem_AA <- 0
        contagem_Aa <- 0
        contagem_aa <- 0

        // Geração dos cruzamentos genéticos
        Para i de 1 até 2 faça
            Para j de 1 até 2 faça
                genotipo <- alelos_pai[i] + alelos_mae[j]
                Se genotipo = "aa" então genotipo <- "Aa"
                Se genotipo = "Aa" então contagem_Aa++
                Senão se genotipo = "AA" então contagem_AA++
                Senão contagem_aa++
                cruzamentos[(i-1)*2 + j] <- genotipo
            FimPara
        FimPara

        // Determinar imagens com base no animal e genótipos
        Para k de 1 até 4 faça
            Se animal = "cachorro" então
                Se cruzamentos[k] = "AA" então imagens[k] <-
                "dog_a.svg"
                Senão se cruzamentos[k] = "Aa" então imagens[k] <-
                "dog_p.svg"
                Senão imagens[k] <- "dog_m.svg"
            FimSe
            // Repetir lógica para "gato" e "coelho" se necessário
        FimPara

        // Exibir proporções
        Escreva("AA: ", contagem_AA * 25, "%")
        Escreva("Aa: ", contagem_Aa * 25, "%")
        Escreva("aa: ", contagem_aa * 25, "%")

        // Explicação do cruzamento
        Escreva("Genótipo do pai: ", alelos_pai[1], alelos_pai[2])
        Escreva("Genótipo da mãe: ", alelos_mae[1], alelos_mae[2])
    FimProcedimento

    Inicio
        Simular()
    FimAlgoritmo

```

FIGURA 6. Algoritmo resumido da estrutura do simulador de genética

Na fase final do desenvolvimento, será implementado um questionário com banco de dados de questões, a fim de avaliar o aprendizado do aluno por meio de seu uso (Figura 7), além disso, será conduzida uma avaliação rigorosa dos requisitos para verificar se foram implementados corretamente e de forma lógica. Para isso, serão realizados testes de funcionalidade, desempenho e usabilidade, além de ajustes necessários para otimizar o software.



FIGURA 7. Protótipo do questionário feito no Figma

Por fim, o projeto envolverá a aplicação prática do simulador, com uma avaliação dos resultados obtidos e sua adequação aos objetivos estabelecidos. Os dados finais serão comparados com os obtidos no estudo de campo inicial, a fim de medir a eficácia do software. Ademais, os resultados do projeto, bem como todo o processo de desenvolvimento, serão apresentados em palestras e eventos educacionais, contribuindo para a disseminação do conhecimento e para futuras melhorias na área.

CONCLUSÕES

O desenvolvimento do Genetools avança como uma proposta concreta para suprir lacunas existentes no ensino de genética no nível médio, unindo interatividade e recursos visuais. Até a presente etapa, observa-se que a construção de uma interface intuitiva, aliada a explicações claras, tem potencial para facilitar a compreensão de conceitos complexos e tornar o aprendizado mais motivador.

Ao final do projeto, espera-se que o simulador contribua de forma significativa para a melhoria da didática em genética, proporcionando uma ferramenta de apoio versátil e uma experiência de aprendizagem mais dinâmica, autônoma e engajadora. As próximas etapas contemplam a realização de testes com turmas reais e a disponibilização pública da ferramenta, permitindo a coleta de feedback para futuras melhorias.

Assim, o Genetools pretende cumprir seu papel pedagógico no curto prazo e servir como base para novas iniciativas que integrem tecnologia e educação de forma efetiva, incentivando metodologias inovadoras no ensino de ciências biológicas.

CONTRIBUIÇÕES DOS AUTORES

Autor 1 contribuiu no processo de aquisição de dados, fundamentação teórica. Autor 2 contribuiu com a análise de dados. Ambos os autores atuaram na redação do trabalho e desenvolvimento. Todos os autores contribuíram com a revisão do trabalho e aprovaram a versão submetida.

AGRADECIMENTOS

Agradecemos a FAI UFSCar pelo financiamento por meio de bolsas estudantis, e a instituição de origem dos proponentes pelo espaço para realização das sessões de reunião e desenvolvimento.

REFERÊNCIAS

- DINIZ, P. G. Z.; BARROS, M. D. M.; ARAÚJO-JORGE, T. C. Ensino de genética na educação básica: uma revisão sistemática sobre o tema. *Revista Ponto de Vista*, v. 12, n. 3, 2023.
- FIGMA, INC. Figma: the collaborative interface design tool. San Francisco, [Califórnia]: Figma, 2024. Disponível em: <https://www.figma.com>. Acesso em: 7 out. 2025.
- MADUREIRA, A. R. O.; CIRNE, J. G. C. C.; SILVEIRA, L. M.; ANDRADE, J. G. R. S.; ROCHA, R. G.; LIMA, A. S. B.; SOUZA, G. R.; SILVA, T. A. Geneticats: Jogo Digital para Ensino de Genética. SBC – Proceedings of SBGames, 2018.
- MENDEL, Gregor J. Experimentos sobre hibridação de plantas. Tradução de N. Freire-Maia. São Paulo: T. A. Queiroz, 1995.
- OLIVEIRA, L. S. O Jogo como Recurso Pedagógico para o Ensino de Biologia. Trabalho de Conclusão de Curso (Licenciatura em Ciências Biológicas) – Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal da Paraíba, Areia, 2018.
- PEDRANCINI, V. D.; GALUCH, M. T. B.; MOREIRA, A. L. O. R.; & RIBEIRO, A. C. Ensino e aprendizagem de biologia no ensino médio e apropriação do saber científico e biotecnológico. *Revista Electrónica de Enseñanza de las Ciencias*, Chile, v. 6, n. 2, 2007.
- PESSOA, E. D. C.; LEITE, M. P.; OLIVEIRA, J. L. Alelotório: um simulador virtual didático para o ensino de deriva genética. *Genética na Escola*, v. 16, n. 2, p. Sup., 2021.