

MEGA: das análises evolutivas à utilização como ferramenta de ensino

Francisco Bruno de Sousa¹, Tarcisio José Domingos Coutinho²

¹ Graduando em Ciências Biológicas, Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Ceará, Campus Acaraú, Ceará

² Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Ceará – Campus Acaraú, Ceará

Autor para correspondência - tarcisio.coutinho@ifce.edu.br

Palavras-chave: software, ensino, bioinformática, evolução

O MEGA (*Molecular Evolutionary Genetics Analysis*) consiste em um software livre, disponível para download no endereço <https://www.megasoftware.net>, compatível com diversos sistemas operacionais (Linux, Windows e macOS), com interface gráfica amigável e intuitiva, que realiza análises evolutivas baseadas na comparação entre seqüências de moléculas biológicas.

Desenvolvido inicialmente pelos pesquisadores Koishiro Tamura e Sudhir Kumar, este software apresenta mais de 10 atualizações/versões ao longo de mais de vinte e cinco anos de existência. Sua utilização para pesquisas está consolidada, pois é possível verificar que há mais de 2 milhões de downloads e 90 mil citações em diversos trabalhos científicos.

Para que as análises evolutivas sejam realizadas, vários algoritmos são utilizados de forma harmônica (Figura 1), o que permite que atividades como alinhamento (Figura 1A) de seqüências, proposição de modelos evolutivos (Figura 1B) e construção de filogenias com confiança estatística (Figura 1C) sejam realizadas de forma relativamente simples.

Considerando o exposto acima, o MEGA apresenta um enorme potencial para o uso em sala de aula como uma ferramenta de ensino em vários níveis e áreas das Ciências Biológicas e Biomédicas, pois sua utilização é compatível tanto para alunos do ensino médio quanto para os do ensino superior.

Uma característica do software que colabora para sua utilização como ferramenta educativa está exatamente no fato da sua simplicidade de utilização e a presença de vários algoritmos interligados permitindo que haja uma

linearidade nas explicações dos conteúdos sem a necessidade de mudança de ambiente virtual.

Dessa forma, tanto professores de ensino médio, quanto de ensino superior podem planejar aulas que envolvam temas como bioquímica biologia molecular, genética, microbiologia, evolução, bioinformática dentre outros e, ainda, utilizar o MEGA como uma ferramenta de aprofundamento de conteúdo e/ou de visualização de aspectos moleculares importantes em diversos organismos.

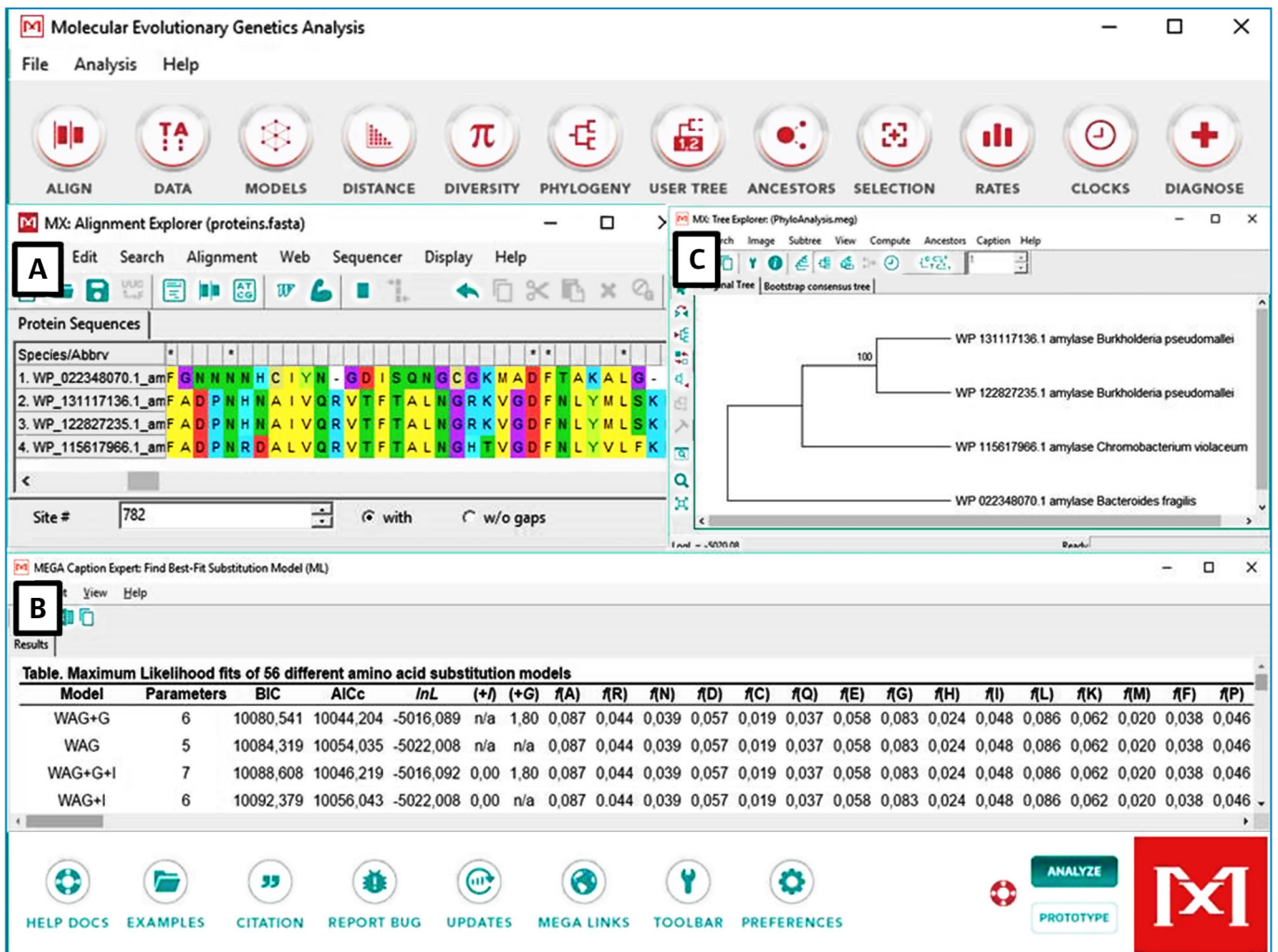


Figura 1. Visão geral do software MEGA. Em A, algumas sequências proteicas estão alinhadas. Em B, a proposição do melhor modelo evolutivo para o conjunto de sequências. Em C, uma filogenia baseada nos dados analisados.