

O POTENCIAL TRANSFORMADOR DO ALPHAFOLD NO ENSINO-APRENDIZAGEM DE BIOQUÍMICA: UMA ABORDAGEM CONSTRUTIVISTA PARA A EDUCAÇÃO CIENTÍFICA

Paulo Henrique Matayoshi Calixto¹

¹ Instituto Federal Goiano

Resumo

O ensino de bioquímica, especialmente no que se refere à compreensão da estrutura tridimensional de proteínas, apresenta barreiras cognitivas significativas, uma vez que os estudantes enfrentam dificuldades em converter representações abstratas em conhecimento espacial concreto. Este artigo examina o potencial do AlphaFold, ferramenta de inteligência artificial para predição de estruturas proteicas, como recurso pedagógico capaz de transformar o processo de ensino-aprendizagem. À luz das teorias construtivistas de Piaget e Vygotsky, bem como da Aprendizagem Significativa de Ausubel, discute-se como o AlphaFold pode transcender sua função de instrumento de pesquisa e assumir o papel de ambiente de construção de conhecimento. Analisa-se de que forma a interação com modelos estruturais precisos e acessíveis contribui para a redução da carga cognitiva extrínseca e para a promoção de uma aprendizagem ativa e investigativa. O artigo apresenta ainda uma estrutura de trabalho curricular organizada em módulos introdutório, intermediário e avançado, alinhado ao modelo TPACK (Conhecimento Tecnológico e Pedagógico do Conteúdo), como guia para a integração entre tecnologia, pedagogia e conteúdo. São discutidos os impactos sobre o desenvolvimento do raciocínio espacial, o engajamento discente e a formação de competências científicas do século XXI, além dos desafios relacionados à formação docente e à necessidade de reflexão crítica acerca da natureza dos modelos preditivos. Conclui-se que a integração criteriosa do AlphaFold, sustentada por princípios educacionais consistentes, pode impulsionar uma mudança paradigmática, deslocando o ensino de bioquímica de um modelo transmissivo para uma prática construtivista e significativa.

Palavras-chave: Ensino de Bioquímica; AlphaFold; Construtivismo; Aprendizagem Ativa; Tecnologias Educacionais; Raciocínio Espacial; TPACK.

THE TRANSFORMATIVE POTENTIAL OF ALPHAFOLD IN BIOCHEMISTRY TEACHING AND LEARNING: A CONSTRUCTIVIST APPROACH TO SCIENCE EDUCATION

Abstract

The teaching of biochemistry, particularly regarding the understanding of protein three-dimensional structures, poses significant cognitive barriers, as students often struggle to translate abstract representations into concrete spatial knowledge. This article examines the potential of AlphaFold, an artificial intelligence tool for protein structure prediction, as a pedagogical resource capable of reshaping the teaching-learning process. Grounded in the constructivist theories of Piaget and Vygotsky, as well as Ausubel's theory of Meaningful Learning, the discussion highlights how AlphaFold transcends its role as a research tool to function as a knowledge-construction environment. The analysis explores how interaction with accurate and accessible structural models can reduce extraneous cognitive load and foster active and inquiry-based learning. The article further proposes a curricular framework structured into introductory, intermediate, and advanced modules, aligned with the TPACK

model (Technological Pedagogical Content Knowledge), providing educators with guidance for integrating technology, pedagogy, and content. The impacts on spatial reasoning development, student engagement, and the cultivation of twenty-first-century scientific competencies are discussed, along with implementation challenges, such as teacher training and the importance of critical reflection on predictive models. It is concluded that the careful integration of AlphaFold, grounded in solid educational principles, can catalyze a paradigm shift, moving biochemistry education from a transmissive model to a genuinely constructivist and meaningful practice.

Keywords: Biochemistry Teaching; AlphaFold; Constructivism; Active Learning; Educational Technologies; Spatial Reasoning; TPACK.

1. Introdução

1.1. O Desafio Cognitivo da Bioquímica Estrutural

A compreensão da relação intrínseca entre a estrutura e a função das macromoléculas é o alicerce da bioquímica moderna. No entanto, para o estudante, o universo das proteínas é conceitualmente denso e visualmente abstrato (Schönborn & Anderson, 2006). A transição mental de uma sequência linear de aminoácidos (estrutura primária) para uma complexa arquitetura tridimensional (estrutura terciária e quaternária) exige um elevado nível de raciocínio espacial, uma habilidade que não é uniformemente desenvolvida entre os alunos (Hegarty, 2004). Essa dificuldade é amplificada pela Teoria da Carga Cognitiva, que postula que a mente humana possui uma capacidade de processamento de informação limitada. A apresentação de estruturas proteicas complexas através de diagramas bidimensionais (2D) estáticos em livros-texto pode impor uma alta carga cognitiva extrínseca (relacionada à forma de apresentação), dificultando a alocação de recursos mentais para a construção de esquemas de conhecimento robustos (carga germinativa) (Sweller, 1988).

1.2. Paradigmas Tradicionais e Suas Limitações

Historicamente, o ensino de biologia estrutural tem se apoiado em uma combinação de representações bidimensionais, analogias e modelos físicos, como por exemplo, kits de bola e vareta. Embora cada um tenha seu mérito, todos apresentam limitações significativas. Diagramas em livros são inerentemente estáticos e perdem a profundidade e a dinâmica conformacional das moléculas (Kozma & Russell, 2005). Modelos físicos, por sua vez, são caros, difíceis de escalar para proteínas grandes e podem gerar concepções equivocadas sobre a natureza "rígida" das estruturas (Roberts et al., 2005). Programas de visualização molecular, como o PyMOL e o UCSF ChimeraX, representaram um avanço substancial, permitindo a exploração interativa de estruturas depositadas no *Protein Data Bank* (PDB), um banco de dados que reúne estruturas resolvidas por técnicas experimentais (Berman et al., 2000). Contudo, apenas uma ínfima parte da estrutura dos proteomas foi experimentalmente elucidada, permanecendo uma grande fração de proteínas com estrutura tridimensional (3D) desconhecida.

1.3. A Revolução Digital e o Advento do AlphaFold

O cenário das estruturas proteicas foi substancialmente alterado com o surgimento do AlphaFold, um sistema de inteligência artificial (IA) que demonstrou uma capacidade sem precedentes de prever a estrutura 3D de uma proteína com alta precisão a partir de sua sequência de aminoácidos (Jumper et al., 2021). A disponibilização de milhões dessas estruturas através do AlphaFold Protein Structure Database (AlphaFold DB) representa um ponto de inflexão não apenas para a pesquisa, mas para a educação (Varadi et al., 2022). O AlphaFold pode ser classificado como uma Tecnologia Digital da Informação e Comunicação (TDIC) disruptiva, que tem o potencial de democratizar o acesso ao conhecimento estrutural e, mais importante, de transformar a pedagogia (Moran, 2015). A tecnologia deixa de ser um mero repositório de informação para se tornar um campo de experimentação e descoberta para o aluno.

1.4. Justificativa e Objetivos do Estudo

A mera presença de uma nova tecnologia em sala de aula não garante uma aprendizagem eficaz. Sua integração deve ser intencional e alicerçada em uma sólida fundamentação pedagógica (Mishra & Koehler, 2006). Este artigo propõe uma estrutura teórica e prática para a incorporação do AlphaFold no ensino de bioquímica, utilizando o construtivismo como lente principal. Nosso objetivo é demonstrar como o AlphaFold pode ser utilizado para: i) Facilitar a construção ativa do conhecimento, em vez da recepção passiva; ii) Promover uma aprendizagem significativa ao conectar conceitos abstratos a modelos visuais concretos e interativos; iii) Desenvolver habilidades de

pensamento crítico e de investigação científica nos estudantes.

2. Fundamentação Teórica: Modelos Pedagógicos para a Integração Tecnológica

2.1. A Teoria Construtivista no Ensino de Ciências

O construtivismo, com raízes em Piaget e Vygotsky, postula que o conhecimento não é passivamente recebido, mas ativamente construído pelo aprendiz em interação com o mundo (Piaget & Duckworth, 1970; Vygotsky, 1978). O AlphaFold alinha-se perfeitamente a essa visão, pois permite que o estudante atue como um construtor de significado. Em vez de apenas ler sobre uma enzima, o aluno pode "pegá-la" digitalmente, rotacioná-la, investigar seu sítio ativo e formular hipóteses. Essa manipulação direta se assemelha ao conceito de "construcionismo" de Papert, uma vertente do construtivismo que enfatiza a aprendizagem através da criação de artefatos (sejam eles físicos ou digitais) (Papert & Harel, 1991). O modelo 3D predito pelo AlphaFold torna-se um artefato cognitivo que medeia a compreensão do aluno.

2.2. Aprendizagem Significativa e o Uso de Organizadores Prévios

A teoria da Aprendizagem Significativa de David Ausubel sustenta que a aprendizagem ocorre quando uma nova informação se conecta a conceitos relevantes já existentes na estrutura cognitiva do indivíduo (os "subsunçores") (Ausubel et al., 1978). A visualização de uma estrutura proteica via AlphaFold pode funcionar como um poderoso "organizador prévio". Por exemplo, antes de estudar a complexidade da catálise enzimática, o

aluno pode explorar a estrutura tridimensional da enzima em questão, identificando visualmente o sítio ativo e os resíduos-chave. Essa experiência visual concreta cria uma âncora cognitiva, um subsunçor, ao qual as informações subsequentes (sobre cinética, mecanismos de reação, etc.) podem se ligar de forma muito mais robusta e significativa do que a uma descrição puramente textual (Novak, 1990).

2.3. O Modelo TPACK (Technological Pedagogical Content Knowledge)

Para que a integração do AlphaFold no ensino seja efetiva, o professor precisa dominar mais do que apenas o conteúdo de Bioquímica e o uso da ferramenta tecnológica. O modelo TPACK, proposto por Mishra e Koehler (2006), descreve a intersecção de três dimensões do conhecimento docente: o conteúdo (C), a pedagogia (P) e a tecnologia (T). O ponto central dessa intersecção, o chamado *sweet spot*, é o TPACK propriamente dito, que representa a capacidade de aplicar a tecnologia de forma pedagogicamente adequada para ensinar um conteúdo específico. No caso do AlphaFold, isso significa que o professor não deve apenas saber carregar e manipular um modelo tridimensional, mas também elaborar atividades investigativas que utilizem esses recursos para promover a compreensão de conceitos fundamentais, como a especificidade enzimática. Este artigo tem como objetivo oferecer subsídios para a construção desse TPACK voltado ao ensino de Bioquímica com o AlphaFold.

3. O AlphaFold como Ferramenta Pedagógica

3.1. Desmistificando a Inteligência Artificial na Predição Estrutural

É fundamental que o AlphaFold não seja apresentado aos estudantes como um recurso incompreensível ou meramente automático. Fornecer uma explicação acessível de seu funcionamento possui grande valor pedagógico. Os docentes podem destacar que o sistema aprendeu os padrões de enovelamento proteico ao ser treinado com dezenas de milhares de estruturas disponíveis no PDB, de forma semelhante ao modo como uma IA aprende a reconhecer imagens de gatos após analisar inúmeros exemplos (Jumper et al., 2021). Além disso, explicar que o modelo utiliza informações de coevolução de resíduos em sequências homólogas para inferir proximidade espacial permite relacionar a biologia estrutural com a evolução, reforçando a perspectiva interdisciplinar (Marks et al., 2011).

3.2. O AlphaFold DB: Uma Biblioteca Universal para a Exploração Guiada

O AlphaFold DB é um recurso educacional de valor inestimável por sua abrangência e acessibilidade. Ele transforma a pergunta do aluno de "Existe uma estrutura para a minha proteína?" para "O que a estrutura da minha proteína pode me dizer?" (Varadi et al., 2022). Esta mudança sutil é pedagogicamente profunda, pois promove uma postura de investigação em vez de mera busca de informação. A interface do banco de dados, com seu sistema de cores baseado na confiança da predição, é em si uma ferramenta de ensino, como discutido a seguir.

3.3. A Importância da Curadoria e do Pensamento Crítico: Interpretando o pLDDT

Talvez a característica mais importante do AlphaFold do ponto de vista

educacional seja a sua métrica de confiança, o pLDDT (*predicted Local Distance Difference Test*) (Jumper et al., 2021). Ao colorir o modelo 3D de acordo com a confiança (azul para alta, amarelo/laranja para baixa), a ferramenta ensina inerentemente uma lição fundamental sobre a natureza da ciência: os modelos são previsões com incertezas associadas. Os professores devem explicitamente treinar os alunos a analisar o pLDDT. Uma região de baixa confiança pode indicar que o segmento é intrinsecamente desordenado, um conceito biológico importante, ou que o modelo naquela área não é confiável (Tunyasuvunakool et al., 2021). Essa prática cultiva o ceticismo saudável e o pensamento crítico, habilidades essenciais para a literacia científica.

4. Proposta de Implementação Curricular - Estrutura de Trabalho

Esta estrutura de trabalho propõe uma progressão de atividades que se alinham com a Taxonomia de Bloom, movendo-se de habilidades de pensamento de ordem inferior (lembrar, entender) para as de ordem superior (analisar, avaliar, criar) (Bloom et al., 1956).

4.1. Módulo Introdutório: Letramento Visual e Estrutural (Entender e Aplicar)

- **Público-alvo:** Alunos de Bioquímica I.
- **Objetivos de Aprendizagem:**
 - Identificar elementos de estrutura secundária (α -hélices, β -folhas) em modelos 3D.
 - Descrever a distribuição de resíduos hidrofóbicos e hidrofílicos.

- Localizar sítios ativos ou de ligação em proteínas conhecidas.

- **Atividade Sugerida: "O Atlas Proteico Pessoal".** Cada aluno ou grupo escolhe uma proteína de interesse, por exemplo, uma enzima do seu metabolismo favorito, uma proteína viral, etc. Usando o AlphaFold DB e um visualizador de macromoléculas, como o UCSF ChimeraX (Pettersen et al., 2021), eles devem "dissecar" a proteína, gerando imagens com anotações que identifiquem suas principais características estruturais e as relacionem com sua função descrita na literatura.
- **Avaliação:** Entrega de um relatório visual de 1-2 páginas, o atlas proteico, e um pequeno questionário sobre os princípios básicos da estrutura proteica.

4.2. Módulo Intermediário: Investigação Baseada em Problemas (Analisar e Avaliar)

- **Público-alvo:** Alunos de Bioquímica II, Biologia Molecular.
- **Objetivos de Aprendizagem:**
 - Analisar o provável impacto estrutural de uma mutação pontual.
 - Comparar as estruturas de proteínas homólogas de diferentes espécies.
 - Formular hipóteses sobre a relação estrutura-função.
- **Atividade Sugerida: "Bioquímica Forense: Decifrando a Doença".** Os alunos recebem um estudo de caso de uma doença genética causada por uma mutação em uma proteína, como por exemplo a

fibrose cística. Eles usam o AlphaFold para visualizar a estrutura da proteína normal e devem prever o que aconteceria com a mutação. No caso específico, uma mutação remove uma ponte de dissulfeto. Eles devem então pesquisar na literatura para verificar se suas hipóteses estruturais são consistentes com o fenótipo da doença.

- **Avaliação:** Elaboração de um relatório de caso, seguindo uma estrutura de problema-hipótese-análise-conclusão, ou um mapa conceitual que conecte a mutação genética à consequência molecular e fisiológica.

4.3. Módulo Avançado: Aprendizagem Baseada em Projetos de Pesquisa (Criar e Sintetizar)

- **Público-alvo:** Alunos em final de curso, iniciação científica.
- **Objetivos de Aprendizagem:**
 - Gerar um novo modelo estrutural para uma proteína de sequência conhecida, mas com estrutura desconhecida.
 - Avaliar a qualidade do modelo gerado usando o pLDDT e outras métricas.
 - Sintetizar informações de homologia estrutural para inferir a função da proteína.
- **Atividade Sugerida: "Projeto Genoma Estrutural".** Os alunos trabalham em grupos para selecionar um pequeno conjunto de proteínas de um organismo não-modelo, como por exemplo, um organismo endêmico do Brasil, com função desconhecida. Usando

ferramentas acessíveis como o ColabFold (Mirdita et al., 2022), eles predizem as estruturas dessas proteínas. Em seguida, utilizam servidores de comparação estrutural, como o DALI, para encontrar homólogos estruturais no PDB. Com base nos resultados, eles escrevem um mini-artigo propondo a função para cada uma de suas proteínas-alvo.

- **Avaliação:** Um artigo científico completo em formato padrão (Introdução, Métodos, Resultados, Discussão) e uma apresentação oral para a turma, simulando um congresso científico.

5. Análise e Discussão dos Impactos Educacionais

5.1. Impacto no Desenvolvimento Cognitivo e Raciocínio Espacial

A manipulação interativa de objetos 3D tem sido consistentemente associada a melhorias nas habilidades de raciocínio espacial (Sorby, 2009). Ao permitir que os alunos girem, ampliem e observem as moléculas de múltiplos ângulos, o AlphaFold age como um "andaime" cognitivo (Vygotsky, 1978), ajudando-os a construir modelos mentais mais precisos e flexíveis. Esta prática pode diminuir a carga cognitiva intrínseca do tópico, liberando recursos para um pensamento de nível superior (Sweller et al., 2019). Acreditamos que o uso regular dessas ferramentas pode ter um impacto positivo e duradouro no desempenho dos alunos em todas as disciplinas que dependem de visualização de macromoléculas.

5.2. Fomento da Aprendizagem Ativa e do Engajamento Estudantil

As atividades propostas movem a dinâmica da sala de aula de um modelo centrado no professor para um modelo centrado no aluno, uma marca da aprendizagem ativa. Pesquisas extensas demonstram que estratégias de aprendizagem ativa resultam em melhores notas e menores taxas de evasão em comparação com aulas expositivas tradicionais (Freeman et al., 2014). A natureza investigativa e visualmente atraente do trabalho com o AlphaFold pode aumentar a motivação e o engajamento dos alunos, respondendo ao seu desejo por relevância e aplicação prática do conhecimento (Ryan & Deci, 2000).

5.3. *Desafios de Implementação e a Necessidade de Formação Docente*

A adoção bem-sucedida dessa estrutura de trabalho enfrenta barreiras práticas. A principal delas é a necessidade de formação docente. Os professores precisam desenvolver não apenas a proficiência técnica (o "T" do TPACK), mas também a fluência pedagógica (o "P" e o "TPACK") para criar atividades significativas e avaliar a aprendizagem dos alunos de novas maneiras (Harris et al., 2009). As instituições de ensino superior devem investir em *workshops* e comunidades de prática para apoiar os educadores nessa transição. Outros desafios incluem garantir o acesso equitativo à infraestrutura computacional, embora ferramentas baseadas em nuvem como o ColabFold mitiguem isso, e a necessidade de alocar tempo curricular para as atividades mais aprofundadas.

5.4. *Considerações Éticas e a Natureza da "Verdade" Científica*

A ascensão da IA na ciência levanta questões filosóficas que devem ser

abordadas em sala de aula. É imperativo que os alunos não vejam as previsões do AlphaFold como a "verdade" absoluta. A ferramenta deve ser usada como uma oportunidade para discutir a natureza da modelagem científica, a diferença entre previsão e observação experimental, e o papel da validação (BALASCO et al., 2025). Ensinar os alunos a questionar o resultado de um algoritmo é uma habilidade metacognitiva crucial na era digital. Esta abordagem transforma uma aula de bioquímica em uma lição sobre a própria epistemologia da ciência.

6. Conclusão

O AlphaFold não é apenas uma conquista tecnológica; é um convite à inovação pedagógica. Este artigo argumentou que, quando sua implementação é guiada por teorias educacionais consolidadas como o construtivismo e o modelo TPACK, essa ferramenta pode catalisar uma profunda transformação no ensino de bioquímica. A mudança proposta é de um paradigma de transmissão de fatos para um de construção de conhecimento, no qual os estudantes se engajam em práticas autênticas de investigação científica.

Ao permitir que os alunos visualizem o invisível, testem hipóteses no ambiente digital e critiquem os resultados de modelos computacionais, estamos fazendo mais do que ensinar bioquímica. Esses processos contribuem para o desenvolvimento do raciocínio espacial, da literacia digital, do pensamento crítico e da criatividade. Assim, favorece-se a formação de uma nova geração de cientistas fluentes, de maneira nativa, nas linguagens da biologia experimental e computacional. A integração plena do AlphaFold ao ensino ainda está em estágio inicial, mas seu

potencial para tornar a aprendizagem em bioquímica mais intuitiva, envolvente e significativa mostra-se inegável.

7. Referências Bibliográficas

AUSUBEL, D. P. et al. **Educational psychology**: A cognitive view. New York: Holt, Rinehart and Winston, 1978.

BALASCO, N.; ESPOSITO, L.; VITAGLIANO, L. Structural Biology in the AlphaFold Era: How Far Is Artificial Intelligence from Deciphering the Protein Folding Code?. **Biomolecules**, v. 15, n. 5, p. 674, 2025.

BERMAN, H. M. et al. The Protein Data Bank. **Nucleic Acids Research**, v. 28, n. 1, p. 235-242, 2000.

BLOOM, B. S. et al. **Taxonomy of educational objectives**. v. 1. New York: David McKay, 1956.

FREEMAN, S. et al. Active learning increases student performance in science, engineering, and mathematics. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 111, n. 23, p. 8410-8415, 2014.

HARRIS, J.; MISHRA, P.; KOEHLER, M. Teachers' technological pedagogical content knowledge and learning activity types: Curriculum-based technology integration reframed. **Journal of Research on Technology in Education**, v. 41, n. 4, p. 393-416, 2009.

HEGARTY, M. Dynamic visualizations and learning: Getting to the difficult questions. **Learning and Instruction**, v. 14, n. 3, p. 343-351, 2004.

JUMPER, J. et al. Highly accurate protein structure prediction with AlphaFold. **Nature**, v. 596, n. 7873, p. 583-589, 2021.

KOZMA, R.; RUSSELL, J. Students becoming chemists: Developing

representational competence. In: GILBERT, J. K. (ed.). **Visualization in science education**. Dordrecht: Springer, 2005. p. 121-145.

MARKS, D. S.; HOPF, T. A.; SANDER, C. Protein 3D structure computed from evolutionary sequence variation. **Nature Biotechnology**, v. 30, n. 11, p. 1072-1080, 2011.

MIRDITA, M. et al. ColabFold: making protein folding accessible to all. **Nature Methods**, v. 19, n. 6, p. 679-682, 2022.

MISHRA, P.; KOEHLER, M. J. Technological pedagogical content knowledge: A framework for teacher knowledge. **Teachers College Record**, v. 108, n. 6, p. 1017-1054, 2006.

MORAN, J. **Mudando a educação com metodologias ativas**. [S. l.]: Convergências, 2015.

NOVAK, J. D. Concept mapping: A useful tool for science education. **Journal of Research in Science Teaching**, v. 27, n. 10, p. 937-949, 1990.

PAPERT, S.; HAREL, I. Situating constructionism. **Constructionism**, v. 36, n. 2, p. 1-11, 1991.

PETTERSEN, E. F. et al. UCSF ChimeraX: Structure visualization for researchers, educators, and developers. **Protein Science**, v. 30, n. 1, p. 70-82, 2021.

PIAGET, J.; DUCKWORTH, E. Genetic epistemology. **American Behavioral Scientist**, v. 13, n. 3, p. 459-480, 1970.

ROBERTS, J. R. et al. Physical models enhance molecular three-dimensional literacy in an introductory biochemistry course. **Biochemistry and Molecular Biology Education**, v. 33, n. 2, p. 105-110, 2005.

RYAN, R. M.; DECI, E. L. Self-determination theory and the facilitation of intrinsic motivation, social development, and well-being. **American Psychologist**, v. 55, n. 1, p. 68-78, 2000.

SCHÖNBORN, K. J.; ANDERSON, T. R. The importance of visual literacy in the education of biochemists. **Biochemistry and Molecular Biology Education**, v. 34, n. 2, p. 94-102, 2006.

SORBY, S. A. Educational research in developing 3-D spatial skills for engineering students. **International Journal of Engineering Education**, v. 25, n. 3, p. 575-585, 2009.

SWELLER, J. Cognitive load during problem solving: Effects on learning. **Cognitive Science**, v. 12, n. 2, p. 257-285, 1988.

SWELLER, J.; VAN MERRIËNBOER, J. J.; PAAS, F. Cognitive architecture and instructional design: 20 years later. **Educational Psychology Review**, v. 31, n. 2, p. 261-292, 2019.

TUNYASUVUNAKOOL, K. et al. Highly accurate protein structure prediction for the human proteome. **Nature**, v. 596, n. 7873, p. 590-596, 2021.

VARADI, M. et al. AlphaFold Protein Structure Database: massively expanding the structural coverage of protein-sequence space with high-accuracy models. **Nucleic Acids Research**, v. 50, n. D1, p. D439-D444, 2022.

VYGOTSKY, L. S. **Mind in society**: The development of higher psychological processes. Cambridge: Harvard University Press, 1978.