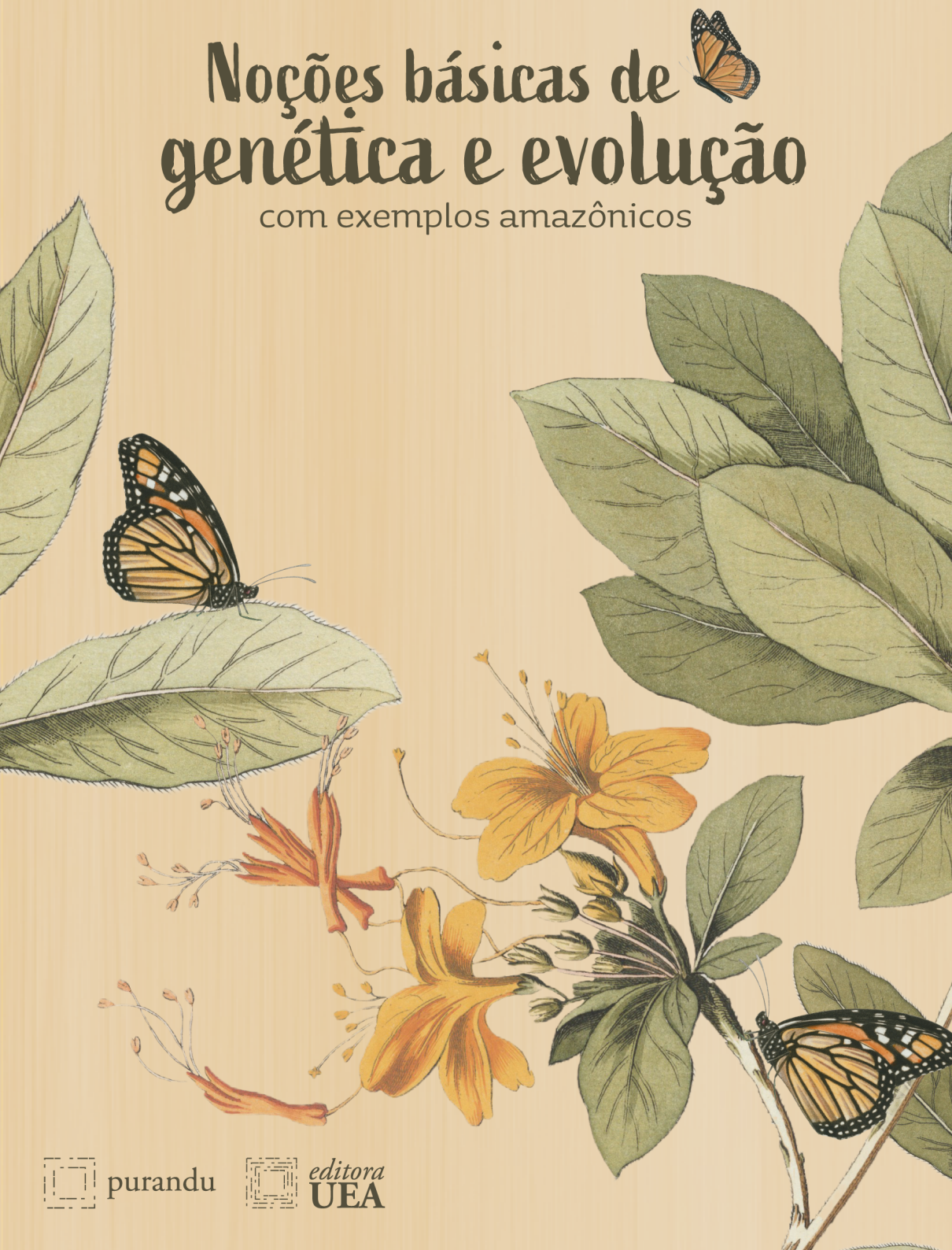


Luciane Lopes de Souza

Silvia Regina Sampaio Freitas

Noções básicas de genética e evolução

com exemplos amazônicos



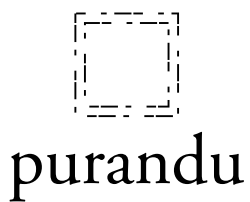
purandu



editora
UEA

Noções básicas de genética e evolução

com exemplos amazônicos



purandu é um selo *editoraUEA* dedicado à publicação de obras de caráter didático. O mesmo que “perguntar” em nheengatu, língua geral amazônica, a palavra purandu invoca um aspecto indispensável para o processo de aprendizagem: a busca pelo saber.



Governo do Estado do Amazonas

Roberto Maia Cidade Filho

Governador

Universidade do Estado do Amazonas

André Luiz Nunes Zogahib

Reitor

Kátia do Nascimento Couceiro

Vice-reitora

*editora*UEA

Isolda Prado de Negreiros Nogueira Horstmann

Diretora

Maria do Perpetuo Socorro Monteiro de Freitas

Gerente

Wesley Sá

Editor Executivo

Raquel Maciel

Produtora Editorial

Isolda Prado de Negreiros Nogueira Horstmann (Presidente)

Adriana Távora de Albuquerque Taveira

Carlos Mauricio Seródio Figueiredo

Gislaine Regina Pozzetti

Josefina Diosdada Barrera Khalil

Katell Uguen

Orlem Pinheiro de Lima

Silvia Regina Sampaio Freitas

Vanúbia Araújo Laulate Moncayo

Conselho Editorial



Luciane Lopes de Souza
Sílvia Regina Sampaio Freitas

Noções básicas de genética e evolução

com exemplos amazônicos



purandu



editora
UEA



Wesley Sá
Coordenação Editorial

Raquel Maciel
Assistência Editorial

Ártemis Araújo
Projeto Gráfico

André Teixeira
Anna Lemos
Renata Baltazar
Revisão

Iasmim Rodrigues
Rebekah Pereira
Diagramação

Iasmim Rodrigues
Rebekah Pereira
Finalização

The New York Public Library
(Unsplash License)
Foto da Capa

Todos os direitos reservados © Universidade do Estado do Amazonas
Permitida a reprodução parcial desde de que citada a fonte

Esta edição foi revisada conforme as regras do Novo Acordo
Ortográfico da Língua Portuguesa

S719n
2026

Souza, Luciane Lopes de
Noções básicas de genética e evolução: com exemplos amazônicos
/ Luciane Lopes de Souza, Silvia Regina Sampaio de Freitas. 1. ed. -
Manaus (AM): Editora UEA, 2026.
224 p.: il., color; [E-book]

ISBN 978-85-7883-846-1

Inclui referências bibliográficas

1. Genética. 2. Noções básicas. 3. Evolução. I. Freitas, Silvia Regina
Sampaio. II. Título.

CDU 1997 - 575

Elaborada pela bibliotecária Sheyla Lobo Mota-11/CRB-484



editoraUEA

Av. Djalma Batista, 3578 – Flores | Manaus – AM – Brasil
CEP 69050-010 | +55 92 992058858
editora.uea.edu.br | editora@uea.edu.br

Agradecimentos

Esta obra só foi possível graças à colaboração e à dedicação da jovem pesquisadora **Ana Klara Alves Moraes**, bolsista de Iniciação Científica da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Amazonas (FAPEAM) e do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e seus voluntários Gabriela Guimarães Costa Gonçalves e Marcos Vinicius da Silva Zacarias Rocha. Parte desse conteúdo provém dos resultados de suas pesquisas com o apoio da Pró-Reitoria de Pesquisa e Pós-Graduação (Propesp) da Universidade do Estado do Amazonas.





SUMÁRIO

Prefácio	8
Apresentação	10

SEÇÃO I. Vamos falar de Genética? **14**

O passado e o presente da Genética	15
Descomplicando a Genética	27
Desvendando os segredos da hereditariedade: como genes criam diversidade e evolução	34
Explorando o mundo da Genética através de metodologias ativas	43
Modelos didáticos representacionais	44
Experimentação científica	50
Práticas integrativas	52
Laboratório virtual	59
Enriquecendo o ensino básico: a importância da Genética Brasileira na sala de aula	69

SEÇÃO II. Vamos falar de evolução? **75**

O que é evolução?	76
Definição, importância e principais equívocos	76
O que é seleção natural?	90
Entendendo o processo	90
Como surgem novas espécies?	96
Entendendo a especiação: tipos e modos	96



Exemplos clássicos dos livros didáticos 106

Desafios enfrentados no ensino da evolução 106

Exemplos amazônicos evolutivos 118

Ensino de evolução contextualizado 118

Casos em invertebrados 124

Casos em vertebrados 128

Vamos aprender evolução jogando 166

Propostas de jogos para diferentes níveis de ensino 167

Continuaremos a evoluir 191

Propostas para a avaliação da aprendizagem 195

Avaliação da aprendizagem de Genética 196

Avaliação da aprendizagem de evolução 199

Guia de uso para o professor 202

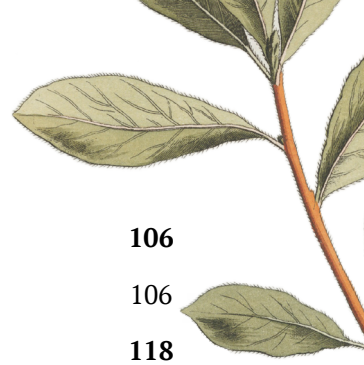
Roteiro da seção de Genética 203

Roteiro da seção de evolução 205

Referências 206

Glossário 217

Sobre as autoras 221



Prefácio

Embora Charles Darwin nunca tenha pisado na vasta extensão da Amazônia, a biodiversidade brasileira, e em especial a amazônica, fez parte de sua teoria. A admiração do jovem Darwin pelos relatos de Alexander von Humboldt sobre a América do Sul foi uma das motivações que o levou a embarcar na famosa viagem a bordo do *Beagle*. No século XIX, pesquisadores como Henry Walter Bates e Alfred Russel Wallace passaram anos imersos na Amazônia brasileira, coletando espécimes e investigando as singularidades dessa região, cujos estudos ajudaram a estabelecer a compreensão das estreitas relações entre os habitats e as características dos seres vivos. Theodosius Dobzhansky – talvez o cientista de maior impacto para a Genética e Evolução no século XX – descreveu 23 novas espécies de *Drosophila* em sua breve expedição na Amazônia brasileira nos anos 1940, demonstrando o verdadeiro laboratório evolutivo a céu aberto que temos em nosso país.

Desde então, cientistas brasileiros e renomadas instituições continuam a contribuir de maneira significativa para a construção do conhecimento sobre Genética e Evolução com foco na rica biodiversidade do Brasil.

No entanto, o valor educacional desses conhecimentos ainda não recebe a devida atenção. Em muitas abordagens curriculares e de livros didáticos brasileiros, a ênfase recai sobre animais exóticos, enquanto a vasta e diversificada biodiversidade nacional é subestimada. Além disso, pesquisas indicam que é comum a falta de uma perspectiva evolutiva no ensino da biodiversidade, com o conteúdo muitas vezes restrito à memorização de nomes e características de grupos biológicos, sem uma conexão real com a história evolutiva das espécies.

Esse cenário evidencia duas problemáticas centrais: a carência de uma abordagem evolutiva no ensino de biodiversidade e a subutilização dos conhecimentos sobre a biodiversidade brasileira na educação básica. O livro que o leitor tem em mãos busca responder a essas questões, oferecendo subsídios essenciais para o trabalho de professores de ciências e biologia nas escolas públicas do ensino fundamental e médio.

Ao conectar o conhecimento científico à realidade brasileira, essa obra tem o potencial de impactar positivamente no aprendizado dos nossos alunos, contribuindo para a construção de uma educação mais crítica, informada e comprometida com a preservação de nossa biodiversidade. O estudo das espécies locais desempenha um papel crucial na compreensão dos problemas ambientais e na formação de uma cultura de sustentabilidade. Decorre daí uma relevância fundamental dessa obra: afinal, como podemos motivar os alunos na valorização da biodiversidade brasileira? Este livro apresenta uma proposta inovadora direcionada aos professores de Ciências e Biologia que buscam aprimorar suas práticas pedagógicas, com o objetivo de decolonizar os exemplos usados no ensino da Genética e Evolução. A abordagem oferecida aos educadores consiste em um recurso pedagógico especializado, fundamentado em experiências de pesquisa, ensino e extensão na Universidade do Estado do Amazonas (UEA) e em pesquisas bibliográficas detalhadas sobre exemplos amazônicos de Genética e Evolução Biológica.

Leonardo Augusto Luvison Araújo

**Professor adjunto do Departamento de Biologia da
Universidade Estadual de Maringá (UEM)**

Apresentação

A Genética e a Evolução formam dois dos pilares fundamentais da Biologia Moderna, oferecendo insights que vão desde a compreensão do comportamento das espécies até as complexidades dos organismos individuais. Este livro busca não apenas iluminar as nuances da evolução, mas também aprofundar-se nas riquezas da genética. A história da Genética revela uma jornada fascinante de descobertas, desde os primeiros experimentos com ervilhas realizados por Gregor Mendel até os avanços em genômica. Esta evolução transformou a Genética em um campo abrangente que hoje sustenta a Biotecnologia Moderna e abre portas para personalizações médicas inéditas. Ao longo do tempo, avançamos das leis básicas de hereditariedade para uma compreensão mais complexa dos mecanismos que regem a transmissão de características nos organismos. Isso estabeleceu a Genética como uma disciplina central na Biologia, essencial para compreendermos desde o desenvolvimento dos organismos até a origem das doenças.

Para alcançar essa compreensão mais complexa, é fundamental começar pelo básico. A familiarização com termos essenciais em Genética, como alelos, genótipo e fenótipo, é mais do que um vocabulário necessário, são ferramentas que possibilitam uma comunicação precisa sobre hereditariedade e expressão genética. Com essa base sólida, podemos avançar para tópicos mais complexos e interligados, permitindo aos iniciantes no estudo da genética explorar a riqueza e diversidade da vida em um nível molecular.

Com uma base sólida em termos fundamentais, estamos equipados para explorar os mecanismos de hereditariedade que geram a diversidade observada na natureza. Estes processos explicam como as diferenças genéticas se manifestam dentro das

populações, assim como são a matéria-prima para a evolução. A capacidade de alterar, trocar ou distribuir informação genética promove uma diversidade biológica que fomenta a adaptação dos organismos aos seus ambientes dinâmicos e desafiadores. Esses conceitos destacam a genética como uma força poderosa e essencial para a perpetuação e evolução da vida.

Para que essa compreensão teórica se torne prática e relevante, é vital adotar metodologias ativas na educação genética. Utilizando estudos de caso, modelização e experimentações práticas e laboratórios virtuais conseguimos transformar ambientes tradicionais de aprendizagem em espaços dinâmicos de investigação e descoberta. Essa abordagem não só facilita a assimilação dos conceitos complexos, mas também prepara os estudantes para aplicarem esse conhecimento de maneira crítica em questões futuras, alargando o escopo de sua experiência educacional.

E, ao integrar exemplos locais e investigações genéticas brasileiras dentro do currículo escolar, adicionamos uma camada de relevância cultural e pessoal ao aprendizado. Entender o papel crucial da Genética no Brasil, especialmente em seu cenário diverso e inovador, não só enriquece o conteúdo didático, mas também inspira os estudantes a apreciarem e valorizarem os avanços científicos de seu próprio país. Desta forma, o ensino da genética se torna não apenas uma disciplina acadêmica, mas uma oportunidade de envolvimento cívico e culturalmente enriquecedora.

À medida que aprofundamos nosso conhecimento sobre a diversidade genética e suas contribuições para a adaptação e sobrevivência, naturalmente nos dirigimos para o estudo dos processos evolutivos. A Evolução Biológica, vista como uma consequência natural das variações genéticas e das pressões ambientais, oferece um quadro mais amplo para entender a continuidade e transformação das espécies.

O ensino da Evolução Biológica é incessantemente investigado em inúmeras pesquisas no Brasil afora, devido a sua importância para a formação docente no âmbito das Ciências Biológicas, já que a evolução é o pilar central e unificador de todo o conhecimento biológico. Entretanto, um ponto crucial a ser destacado é que os desafios enfrentados por professores e estudantes consistem, especialmente, na falta de um completo entendimento dos principais mecanismos evolutivos inseridos nas teorias evolutivas até então existentes (Lamarckismo, Darwinismo, Neodarwinismo, Pós-Modernismo).

Figuras importantes como Jean-Baptiste de Lamarck, Charles Darwin, Alfred Wallace, Gregor Mendel, John Haldane, Theodosius Dobzhansky, dentre outros, serão sempre lembrados como os cientistas evolucionistas que demonstraram ao mundo o seu modo de ver a evolução das espécies em suas descobertas científicas. Cada um teve sua importância na história da construção do alicerce das Ciências Biológicas, bem como, de maneira mais geral, na revolução científica da história da humanidade. No entanto, um fator complicador que vem à tona nas salas de aula, e fora delas, são as explicações dos processos evolutivos a partir de exemplos mais regionais e contextualizados.

Portanto, à luz das coleções didáticas utilizadas no sistema educacional brasileiro, temos utilizado ainda em nossas aulas exemplos de seleção natural/adaptação e sobre a origem de novas espécies/diversificação/especiação que não são familiares ao cotidiano dos nossos estudantes, sobretudo, na região amazônica. Girafas e tentilhões, bem como as mariposas de Manchester, são vigorosamente citados nos materiais didáticos e reproduzidos por professores e alunos em todos os níveis de ensino.

Esta obra se configura como uma proposta inovadora voltada para os professores de Ciências e Biologia que visam aprimorar suas atividades em sala de aula, no sentido de decolonizar os

exemplos utilizados para ensinar Evolução. A abordagem aqui apresentada aos professores representa um material de apoio pedagógico especializado baseado em experiências docentes e em levantamentos bibliográficos sistemáticos sobre exemplos amazônicos de Evolução Biológica.

Esperamos que a leitura seja fácil, atrativa e, ao mesmo tempo, enraizada nas questões epistemológicas e históricas do conhecimento genético e evolutivo, e que permita uma viagem mais prazerosa nos conceitos e exemplificações aqui trazidas como uma alternativa pedagógica capaz de aproximar a teoria científica à prática docente.

As autoras

Seção I

Vamos falar de Genética?



O passado e o presente da Genética

Neste capítulo, intitulado **O passado e o presente da Genética**, o leitor será conduzido por uma jornada que explora a trajetória desse campo científico, desde os estudos pioneiros de Gregor Mendel até as tecnologias modernas de edição genômica que estão transformando a Ciência. Essa abordagem mergulha nos principais marcos históricos e descobertas científicas que consolidaram a Genética como uma área central das Ciências Biológicas.

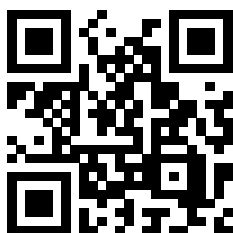
Entre os temas abordados estão a **teoria cromossômica da hereditariedade**, a **descoberta da estrutura do DNA** e a **decodificação do código genético**. Além disso, o capítulo destaca como esses avanços impactaram significativamente áreas como saúde, agricultura e biotecnologia, evidenciando o relevante papel da Genética tanto no presente quanto no futuro da sociedade.

Este capítulo foi elaborado com o propósito de:

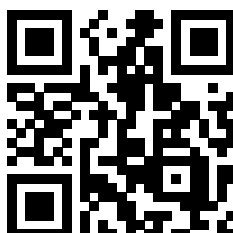
- **Apresentar uma perspectiva histórica** da evolução da Genética, destacando os eventos e descobertas que foram decisivos para a construção desse campo do conhecimento;
- **Explicar os conceitos fundamentais** da área, como as Leis de Mendel, os fundamentos cromossômicos da herança e o papel do DNA na transmissão genética;
- **Demonstrar os avanços científicos e tecnológicos** decorrentes das inovações na área, com ênfase em aplicações como biotecnologia e medicina, ampliando as fronteiras do conhecimento;
- **Estimular uma reflexão crítica** sobre os impactos éticos e sociais das tecnologias genéticas, além de ressaltar sua importância no contexto educacional e na formação de novos cientistas.

Para enriquecer o aprendizado, sugerimos vídeos sobre os assuntos abordados neste capítulo. Você pode acessá-los facilmente utilizando os QR Codes abaixo:

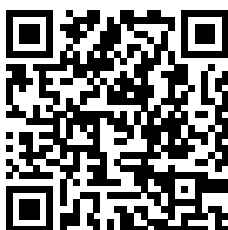
**Combate
Genético**



**Como os cientistas
sequenciaram
o genoma humano**



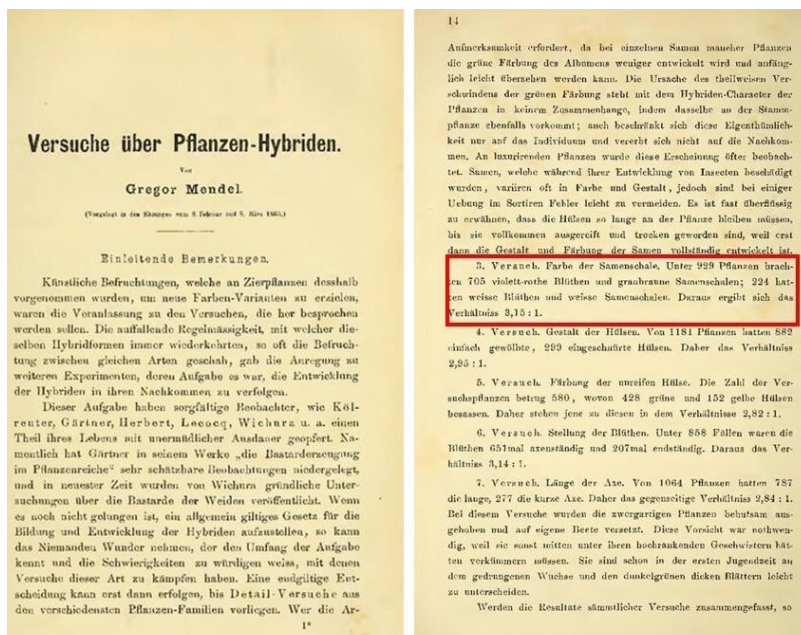
Edição gênica



A história da Genética é uma envolvente saga de descobertas científicas que, gradualmente, desvendou como as características são transmitidas de uma geração para outra. Essa jornada cativante teve início no século XIX com os experimentos pioneiros de Gregor Mendel, um monge agostiniano que, por meio de observações meticulosas de plantas de ervilha (*Pisum sativum*), estabeleceu as bases da Genética Moderna. Focando em características distintas, como a cor das flores, a altura das plantas e a textura das sementes, Mendel identificou padrões claros na hereditariedade desses traços. Os cruzamentos controlados que realizou revelaram que as características não eram transmitidas de modo misturado, mas por unidades, hoje conhecidas como genes.

Uma descoberta particularmente intrigante de Mendel foi a dominância de certos traços sobre outros, considerados recessivos. Por exemplo, ele observou que a cor roxa das flores podia ocultar completamente a presença da cor branca quando ambas estavam presentes. Com essas observações, ele formulou as Leis de Mendel: a Lei da Segregação, que explica como os alelos se separam durante a formação dos gametas; e a Lei da Segregação Independente, que descreve a distribuição independente de alelos de genes distintos. Essas descobertas foram publicadas nos anais da *Brünn Natural Science Society*, em 1866, marcando um momento histórico no estudo da Genética (Figura 1).

Figura 1: Imagens da capa e dos resultados descritos por Mendel em seu artigo publicado nos anais da *Brünn Natural Science Society*, em 1866. Em destaque para parte dos resultados dos cruzamentos que subsidiaram os conceitos de Dominância, Recessividade e Segregação Independente



Fonte: Naturforschender Verein in Brünn (1866)¹

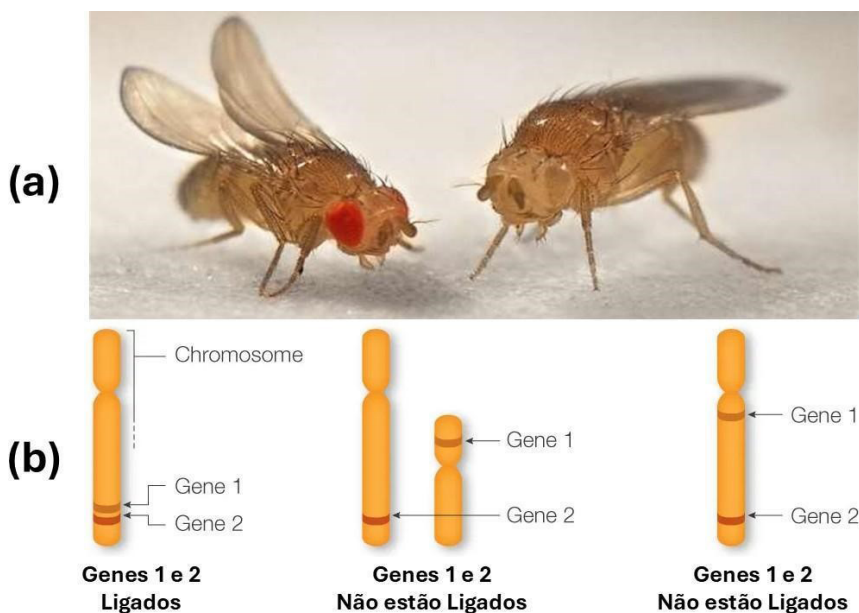
Esse trabalho pioneiro delineou as primeiras pistas sobre a natureza da hereditariedade, embora seu significado completo não tenha sido reconhecido até o início do século XX, quando biólogos redescobriram e expandiram suas teorias. O insight de Mendel sobre como os genes são passados aos descendentes foi fundamental para abrir caminho para a Genética Moderna, proporcionando um arcabouço para entender doenças genéticas, desenvolver cultivos agrícolas mais eficientes, e avançar nas técnicas de Engenharia Genética que hoje permeiam as Ciências Biológicas.

No início do século XX, a Biologia estava em meio a uma crescente busca por respostas sobre como características eram transmitidas de pais para filhos. Embora as Leis da Hereditariedade de Mendel, formuladas décadas antes, tenham mostrado um caminho, a misteriosa morada desses fatores genéticos ainda não estava clara. Foi nesse cenário que importantes desenvolvimentos ocorreram com a contribuição de vários cientistas, incluindo Walter Sutton e Theodor Boveri, que de forma independente, propuseram a Teoria Cromossômica da Hereditariedade (Badzinski; Hermel, 2015). Essa teoria sugeria que os fatores hereditários de Mendel estavam localizados nos cromossomos. Em meio a isso, um cientista chamado Thomas Hunt Morgan conduziu experimentos reveladores que reforçaram e expandiram essa teoria. Morgan escolheu a simplicidade e a eficiência de *Drosophila melanogaster*, moscas-das-frutas, para suas investigações. Com vidas curtas e ciclos reprodutivos rápidos, estas moscas permitiam a observação de muitas gerações em períodos abreviados, facilitando o estudo da hereditariedade. Ele notou que algumas características, como a cor dos olhos (Figura 2a), mostravam padrões de herança que não poderiam ser totalmente explicados pelas leis de Mendel. Particularmente, essas características estavam ligadas a algo mais profundo que não seguia os padrões mendelianos esperados.

1 Disponível em: [https://pt.wikipedia.org/w/index.php?title=Ficheiro:Verhandlungen_des_naturforschenden_Vereines_in_Br%C3%BCnn_1865_\(IA_versucheberpflanzmend\).pdf&page=133](https://pt.wikipedia.org/w/index.php?title=Ficheiro:Verhandlungen_des_naturforschenden_Vereines_in_Br%C3%BCnn_1865_(IA_versucheberpflanzmend).pdf&page=133). Acesso em: 05 fev. 2025.

Conforme Morgan prosseguia em suas pesquisas, uma ideia começou a brotar: e se essas unidades de herança mendelianas estivessem ligadas aos cromossomos? Ao observar que certas características passavam a ser herdadas juntas, Morgan propôs que elas estavam localizadas próximas, ou no mesmo cromossomo, uma constatação que ele denominou de “ligação gênica” (Figura 2b). Este conceito explicou por que certos genes não seguiram a regra da segregação independente de Mendel.

Figura 2: (a) Mosca de fruta (*Drosophila melanogaster*) foi a espécie utilizada nos experimentos conduzidos por Thomas Morgan que viabilizaram a confirmação da Teoria Cromossômica da Herança. (b) Esquema ilustrativo dos genes ligados fisicamente e, portanto, são herdados juntos; e os genes não ligados e, consequentemente, com distribuição independente no momento da formação dos gametas



Fonte: Wikimedia Commons²

² Imagens adaptadas de: <https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Fruit-flies-red-and-white-eyes.jpg> e <https://learn.genetics.utah.edu/content/pigeons/genetic-linkage/>. Acesso em: 5 fev. 2025.

Experimentos com cruzamentos adicionais nas *drosófilas* revelaram que havia eventos raros — o *crossing-over* — que poderiam separar os alelos de um par gênico em questão, um fenômeno que apoiou a ideia de que os cromossomos eram os veículos dos genes. Morgan não apenas apresentou uma explicação física para as Leis de Mendel, mas expandiu a interpretação do comportamento genético ao ligar a estrutura molecular da herança mendeliana aos cromossomos que podiam ser vislumbrados através de microscópios. Graças às suas conclusões, ficou evidente que cada gene tinha um local específico em um cromossomo. Este novo paradigma significava que as leis de Mendel não só podiam ser mapeadas, mas que existia um alicerce físico e empírico sustentando a passagem de traços hereditários. A Teoria Cromossômica da Hereditariedade, proposta por Walter Sutton e Theodor Boveri, e corroborada por Morgan, foi revolucionária. Ela deu corpo e forma aos fatores de Mendel e abriu um campo completamente novo onde a Genética tornou-se uma Ciência detida de explicações concretas e previsão científica. Morgan ligou o universo dos genes ao dos cromossomos, transformando o entendimento da Biologia das moscas em conceitos aplicáveis a quase todas as formas de vida. Este legado se fez sentir em todas as esferas da Biologia Moderna, continuamente expandindo as fronteiras do entendimento genético e moldando nosso conhecimento sobre a vida. A teoria de Morgan continua a inspirar gerações de cientistas, da Genética Clássica à biotecnologia e medicina atual.

Avançando pelo século XX, a Genética experimentou uma revolução com a descoberta do ácido desoxirribonucleico (DNA) como a molécula portadora da informação genética. Essa mudança de conceito aconteceu enquanto as ideias pioneiras de Gregor Mendel começavam a ser integradas na compreensão científica, fornecendo uma base teórica crucial para os princípios da hereditariedade. Os anos de experimentação e pesquisa culminaram em 1953, quando James Watson e Francis Crick anunciaram a

estrutura do DNA como uma dupla hélice (Figura 3). Este avanço foi possível graças às imagens de difração de raios-x produzidas por Rosalind Franklin e Maurice Wilkins, que forneceram as pistas visuais necessárias para modelar a cadeia helicoidal. A revelação do formato em dupla hélice também proporcionou um mecanismo pelo qual as informações genéticas poderiam ser precisamente copiadas e transmitidas de célula para célula e de geração para geração. Esta descoberta delineou o código que define todos os processos biológicos, ligando diretamente o comportamento molecular às regras mendelianas de hereditariedade. Portanto, o trabalho de Watson e Crick, e a contribuição fundamental de Rosalind Franklin, elucidou como ocorre a transmissão genética, como fundamentou o que viria a ser o campo moderno da Biologia Molecular, oferecendo novas e vastas possibilidades para a Ciência e Medicina.

Figura 3: (a) Imagem dos pesquisadores laureados com o prêmio Nobel de Fisiologia/Medicina, 1962, pela descoberta da estrutura química da molécula de DNA. (b) Artigo publicado em 1953, na revista *Nature*, que descreve a estrutura química do DNA

(a)

THE NOBEL PRIZE

Nobel Prizes & laureates About Stories Educational Events & museums

Nobel Prize in Physiology or Medicine 1962

Summary

Laureates

Francis Crick

James Watson

Maurice Wilkins

Speed read

Perspectives

Award ceremony video

Presentation Speech

Share this



Nobel Prize in Physiology or Medicine 1962



Photo from the Nobel Foundation archive.
Francis Harry Compton Crick
Prize share: 1/3



© MRC Laboratory of Molecular Biology, Nobel Foundation archive
James Dewey Watson
Prize share: 1/3



Photo: Mark Gerson. Nobel Foundation archive
Maurice Hugh Frederick Wilkins
Prize share: 1/3

(b)

No. 4356 April 25, 1953

NATURE

737

MOLECULAR STRUCTURE OF NUCLEIC ACIDS

A Structure for Deoxyribose Nucleic Acid

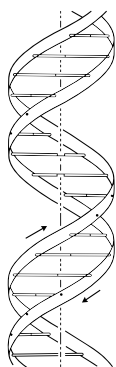
We wish to suggest a structure for the salt of deoxyribose nucleic acid (D.N.A.). This structure has novel features which are of considerable biological interest.

A structure for nucleic acid has already been proposed by Pauling and Corey¹. They kindly made their manuscript available to us in advance of publication. Their model consists of three intertwined chains, with the phosphates near the fibre axis, and the bases on the outside. In our opinion, this structure is unsatisfactory for two reasons:

(1) We believe that the material which gives the X-ray diagrams is the salt, not the free acid. Without the acidic hydrogen atoms it is not clear what forces would hold the structure together, especially as the negatively charged phosphates near the axis will repel each other. (2) Some of the van der Waals distances appear to be too small.

Another three-chain structure has also been suggested by Fraser (in the press). In his model the phosphates are on the outside and the bases on the inside, linked together by hydrogen bonds. This structure as described is rather ill-defined, and for this reason we shall not comment on it.

We wish to put forward a radically different structure for the salt of deoxyribose nucleic acid. This structure has two helical chains each coiled round the same axis (see diagram). We have made the usual chemical assumptions, namely, that each chain consists of phosphate diester groups joining β -D-deoxy-ribofuranose residues with 3',5' linkages. The two chains (but not their bases) are related by a dyad perpendicular to the fibre axis. Both chains follow right-handed helices, but owing to the dyad the sequences of the atoms in the two chains run in opposite directions.



Each chain loosely resembles Furberg's² model No. 1; that is, the bases are on the inside of the helix and the phosphates on the outside. The configuration of the sugar and the atoms near it is close to Furberg's 'standard configuration', the sugar being roughly perpendicular to the attached base. There is a residue on each chain every 3.4 Å. in the z-direction. We have assumed an angle of 36° between adjacent residues in the same chain, so that the structure repeats after 10 residues on each chain, that is, after 34 Å. The distance of a phosphorus atom from the fibre axis is 10 Å. As the phosphates are on the outside, cations have easy access to them.

The structure is an open one, and its water content is rather high. At lower water contents we would expect the bases to tilt so that the structure could become more compact.

The novel feature of the structure is the manner in which the two chains are held together by the purine and pyrimidine bases. The planes of the bases are perpendicular to the fibre axis. They are joined together in pairs, a single base from one chain being hydrogen-bonded to a single base from the other chain, so

that the two lie side by side with identical z-co-ordinates. One of the pair must be a purine and the other a pyrimidine for bonding to occur. The hydrogen bonds are made as follows: purine position 1 to pyrimidine position 1; purine position 6 to pyrimidine position 6.

If it is assumed that the bases only occur in the structure in the most plausible tautomeric forms (that is, with the keto rather than the enol configurations) it is found that only specific pairs of bases can bond together. These pairs are: adenine (purine) with thymine (pyrimidine), and guanine (purine) with cytosine (pyrimidine).

In other words, if an adenine forms one member of a pair, on either chain, then on these assumptions the other member must be thymine; similarly for guanine and cytosine. The sequence of bases on a single chain does not appear to be restricted in any way. However, if only specific pairs of bases can be formed, it follows that if the sequence of bases on one chain is given, then the sequence on the other chain is automatically determined.

It has been found experimentally^{3,4} that the ratio of the amounts of adenine to thymine, and the ratio of guanine to cytosine, are always very close to unity for deoxyribose nucleic acid.

It is probably impossible to build this structure with a ribose sugar in place of the deoxyribose, as the extra oxygen atom would make too close a van der Waals contact.

The previously published X-ray data^{5,6} on deoxyribose nucleic acid are insufficient for a rigorous test of our structure. So far as we can tell, it is roughly compatible with the experimental data, but it must be regarded as unproved until it has been checked against more exact results. Some of these are given in the following communications. We were not aware of the details of the results presented there when we devised our structure, which rests mainly though not entirely on published experimental data and stereo-chemical arguments.

It has not escaped our notice that the specific pairing we have postulated immediately suggests a possible copying mechanism for the genetic material.

Full details of the structure, including the conditions assumed in building it, together with a set of co-ordinates for the atoms, will be published elsewhere.

We are much indebted to Dr. Jerry Donohue for constant advice and criticism, especially on interatomic distances. We have also been stimulated by a knowledge of the general nature of the unpublished experimental results and ideas of Dr. M. H. F. Wilkins, Dr. R. E. Franklin and their co-workers at King's College, London. One of us (J.D.W.) has been aided by a fellowship from the National Foundation for Infantile Paralysis.

J. D. WATSON
F. H. C. CRICK

Medical Research Council Unit for the Study of the Molecular Structure of Biological Systems, Cavendish Laboratory, Cambridge. April 2.

¹ Pauling, L., and Corey, R. B. *Nature*, 171, 346 (1953); *Proc. U.S. Nat. Acad. Sci.*, 39, 84 (1953).

² Furberg, S., *Acta Chem. Scand.*, 6, 634 (1952).

³ Chargaff, E., for references see Zamenhof, S., Brawerman, G., and Chargaff, E., *Biochim. et Biophys. Acta*, 9, 402 (1952).

⁴ Wyatt, G. R., *J. Gen. Physiol.*, 36, 201 (1952).

⁵ Astbury, W. T., *Symp. Soc. Exp. Biol.*, 1, *Nucleic Acid*, 66 (Camb. Univ. Press, 1947).

⁶ Wilkins, M. H. F., and Randall, J. T., *Biochim. et Biophys. Acta*, 10, 102 (1953).

This figure is purely diagrammatic. The two ribbons symbolize the two phosphate-sugar chains, and the horizontal rods the pairs of bases holding the chains together. The vertical line marks the fibre axis.

Fonte: Nobel Prize Outreach (2025)³

3 As imagens são adaptadas de: <https://www.nobelprize.org/prizes/medicine/1962/summary/> e <https://www.nature.com/scitable/content/16331/molecular-structure-of-dna-watson-crick.pdf>. Acesso em: 5 fev. 2025.

Os avanços históricos na Genética, enquanto inicialmente pautados pelas descobertas pioneiras de Gregor Mendel e posteriormente pela identificação da estrutura do DNA, transcenderam estes primeiros marcos para moldar um campo de conhecimento rico e dinâmico ao longo do século XX e além (Figura 4). Nos anos 1960, a Genética entrou em uma nova era com a decodificação do código genético. Esta grande realização elucidou como a informação genética contida nas sequências de nucleotídeos no DNA é traduzida para aminoácidos por meio de códons. Durante a década de 1970, os avanços em técnicas de Biologia Molecular, como a clonagem, o DNA recombinante e a eletroforese em gel, permitiram uma manipulação mais assertiva do material genético. A era da Engenharia Genética havia começado; culminando na capacidade sem precedentes de isolar, modificar e introduzir genes em organismos usando tecnologias emergentes como a clonagem molecular e transgênese (Santos; Wiethölter, 2021). Com a chegada do século XXI, a expansão do conhecimento genético atingiu um auge através de projetos de grande escala e colaboração internacional, notadamente através do Projeto Genoma Humano. Este empreendimento monumental mapeou todo o genoma humano, o que permitiu identificar e localizar cerca de 20.000-25.000 genes (International Genome Sequencing Consortium, 2001). Os resultados deste projeto serviram como um trampolim, que lançou luz sobre numerosas aplicações potenciais, englobando desde o desenvolvimento de estudos moleculares mais precisos até métodos sofisticados de melhoramento agrícola que são mais eficientes e sustentáveis. O avanço tecnológico durante este período possibilitou a compreensão sobre a intrincada dança dos ácidos nucleicos, bem como ampliou as possibilidades de tratamento de doenças genéticas através de técnicas como a terapia gênica, que já começou a oferecer esperança tangível para curas genéticas anteriormente consideradas fora de alcance (Cabeda *et al.*, 2024). Além disso, essas descobertas aprimoraram consideravelmente nosso

entendimento da história humana, usando análises genômicas para traçar migrações e evoluções ancestrais, proporcionando um quadro mais robusto da história evolutiva e adaptativa das populações humanas (Okumura, 2022). Na agricultura, as técnicas biotecnológicas emergentes permitiram a criação de cultivos geneticamente modificados que oferecem resistência a pragas, melhor qualidade nutricional, e maior rendimento (Santos; Fernandes; Fernandes, 2012). Complementando estas revoluções nos estudos genéticos, surge a técnica de CRISPR, que se destaca por sua precisão e eficiência na edição do DNA. Descoberta como um mecanismo de defesa em bactérias, o CRISPR rapidamente se tornou uma ferramenta essencial para a biotecnologia moderna ao permitir manipulações genéticas que antes seriam quase inimagináveis (Doudna; Charpentier, 2014). Esta técnica, baseada na utilização de enzimas como a Cas9, possibilita cortar e editar segmentos específicos de DNA com precisão sem precedentes (Jinek *et al.*, 2012). As implicações do CRISPR são vastas, com aplicações promissoras na medicina, permitindo correções de mutações causadoras de doenças genéticas e potencializando terapias inovadoras contra o câncer, através da edição precisa de células imunológicas (Hsu; Lander; Zhang, 2014). Este avanço também levanta importantes discussões éticas sobre os limites da modificação genética. Assim, o CRISPR solidifica-se como um marco na genética, oferecendo linhas anteriormente incalculáveis de investigação e progresso científico, reafirmando a capacidade da biotecnologia de reimaginar a saúde, a alimentação e o futuro da humanidade. Tais desenvolvimentos são críticos em um mundo que enfrenta aspectos cada vez mais desafiadores de insegurança alimentar e crescimento populacional contínuo. Esses avanços proporcionaram desafios éticos e sociais, nos forçando a reconsiderar a maneira como encaramos a manipulação genética, questões de privacidade em genética, e as implicações éticas e evolutivas.

Figura 4: Esta linha do tempo demonstra como a Genética evoluiu desde os primeiros experimentos de Mendel até as atuais aplicações da edição de DNA na medicina personalizada. Cada descoberta ampliou significativamente nosso entendimento sobre como a informação genética é armazenada, modificada e transmitida entre gerações, moldando profundamente o campo da genética e suas aplicações

10 PRINCIPAIS AVANÇOS DA GENÉTICA



Experimentos de Mendel com Ervilhas (1856-1863)

Gregor Mendel realiza experimentos com ervilhas no jardim do mosteiro em Brno, estabelecendo os princípios fundamentais da hereditariedade que mais tarde serão conhecidos como as Leis de Mendel. Ele introduz os conceitos de genes dominantes e recessivos.

Os botânicos Hugo de Vries, Carl Correns e Erich von Tschermak redescobrem independentemente os trabalhos de Mendel, marcando o início da integração dos estudos de Mendel na Biologia

Redescoberta das Leis de Mendel (1900)



Teoria Cromossômica (1910)

Thomas Hunt Morgan realiza experimentos com a mosca da fruta (*Drosophila melanogaster*), mostrando que os genes são unidades físicas localizadas nos cromossomos.

Frederick Griffith descobre que uma substância de bactérias patogênicas mortas pode transformar bactérias não-patogênicas em patogênicas, sugerindo a existência de um material genético transformador.

Princípio Transformante (1928)



Identificação do DNA como Material Genético (1944)

Os experimentos de Avery, Macleod e McCarty confirmam que o DNA é o material responsável pela hereditariedade, passando a ter um papel central na genética

James Watson e Francis Crick, com evidências cruciais de Rosalindo Franklin, publicam um modelo hélice e o mecanismo pelo qual o DNA pode replicar-se.

Estrutura de Dupla Hélice do DNA (1953)



Primeira Clonagem de DNA Recombinante (1973)

Herbert Boyer e Stanley Cohen desenvolvem técnicas para clonar pedaços de DNA em plasmídeos bacterianos, estabelecendo as bases da engenharia genética moderna.

Kary Mullis inventa a reação em cadeia da polimerase (PCR), uma técnica que permite a amplificação de pequenas quantidades de DNA, revolucionando laboratórios de biologia molecular.

Reação em Cadeia da Polimerase (1985)



Projeto Genoma Humano (1990 – 2003)



Um projeto internacional colabora para mapear e sequenciar todo o genoma humano, oferecendo novas percepções sobre o funcionamento genético e abrindo portas para a medicina personalizada.

A técnica de edição genética CRISPR/Cas9 é reconhecida por sua capacidade precisa de modificar sequências de DNA em genes específicos, marcando uma das inovações mais promissoras na biotecnologia moderna.

Edição do DNA (2012)



Fonte: Elaborada pelas autoras (2025)⁴

A viagem da Genética desde os trabalhos de Mendel até as sofisticadas ferramentas de modificação do genoma de hoje é testemunho de uma viagem científica sem precedentes. Ela expõe as impressionantes capacidades da biotecnologia, abrindo inúmeras portas para geração de conhecimento, exploração e inovação, e exige nossa cuidadosa consideração à medida que avançamos para territórios genéticos inexplorados.

⁴ Adaptado de: URRY, L. A. et al. (orgs.). *Biologia de Campbell*. 12. ed. Porto Alegre: Artmed, 2022.

Descomplicando a Genética

No capítulo a seguir, intitulado **Descomplicando a Genética**, o leitor será conduzido a explorar os fundamentos desse fascinante campo científico de forma clara e acessível. O objetivo é desmistificar os principais conceitos da Genética, incluindo termos-chave como **genes, alelos, cromossomos, genótipos, fenótipos, dominância e recessividade**. Esses elementos, que constituem a base do entendimento sobre a transmissão de características entre gerações, serão apresentados de maneira didática, permitindo que a compreensão flua de maneira intuitiva.

Além disso, o capítulo abordará os **mecanismos de hereditariedade** e sua influência na biodiversidade, conectando esse conhecimento a suas aplicações práticas em áreas como saúde e agricultura. A ideia central é promover um entendimento abrangente de como os genes e o ambiente interagem para moldar a diversidade biológica e impactar a vida cotidiana.

Este capítulo tem como objetivos principais:

- **Introduzir e explorar os conceitos fundamentais da Genética**, detalhando como seus mecanismos funcionam e destacando sua importância para a compreensão da ciência;
- **Explicar como a interação entre genes e o ambiente** contribui para a formação das características fenotípicas, fundamentando o entendimento sobre a diversidade biológica;
- **Discutir as aplicações práticas desses conceitos**, como os avanços em medicina personalizada e o desenvolvimento de cultivos agrícolas geneticamente aprimorados;
- **Fomentar reflexões sobre as implicações éticas e sociais** desses avanços, promovendo uma conexão relevante entre ciência e sociedade;

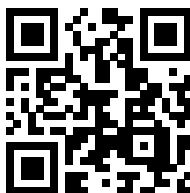
- **Incentivar a contextualização e integração desses conceitos no ensino**, tornando o aprendizado mais significativo e próximo da realidade de professores e alunos.

Para complementar a compreensão e o aprendizado deste capítulo, sugerimos alguns vídeos para complementar os principais conceitos e aplicações discutidos aqui. Esses materiais podem ser acessados pelos QR Codes disponibilizados abaixo:

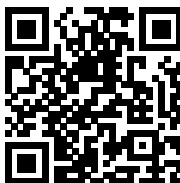
Do DNA à proteína



Como o DNA pode determinar as características dos seres vivos?



Você consegue enrolar a língua?



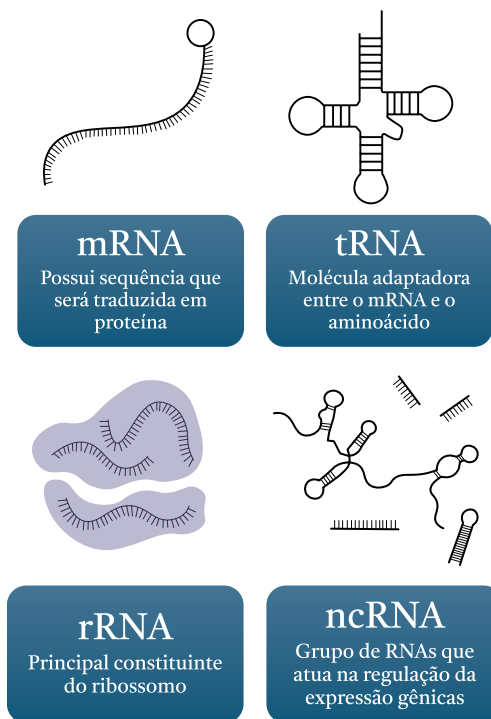
A Genética desempenha um papel fundamental na compreensão do mundo vivo, influenciando aspectos que vão desde a medicina até a produção de alimentos, passando por questões éticas e sociais. Apesar de sua natureza científica, os conceitos que sustentam essa área dialogam diretamente com o cotidiano da população, ajudando a explicar fenômenos como a transmissão de características hereditárias, o surgimento de doenças genéticas e os avanços em biotecnologia.

Neste cenário, o entendimento de conceitos elementares, como genes, cromossomos, alelos e moléculas de RNA, é essencial para aproximar a sociedade das transformações científicas e tecnológicas em curso. Mais do que isso, compreender a Genética permite uma visão crítica e bem fundamentada dos avanços que impactam diretamente a vida, promovendo uma maior integração entre ciência e sociedade.

Ao explorar as bases da hereditariedade e o funcionamento das informações genéticas, somos conduzidos a reconhecer como o conhecimento genético molda o mundo à nossa volta e aponta para um futuro repleto de possibilidades tecnológicas e científicas. Essa jornada revela-se essencial para que a população, além de compreender tais avanços, participe ativamente das discussões éticas e sociais que emergem deste campo em constante evolução.

Para começar, os genes são segmentos de DNA que possuem a informação genética para a produção de moléculas de RNA (Figura 5) e reconhecidos como a unidade fundamental da hereditariedade.

Figura 5: Diversidade de moléculas de RNA presentes em células procarióticas e eucarióticas

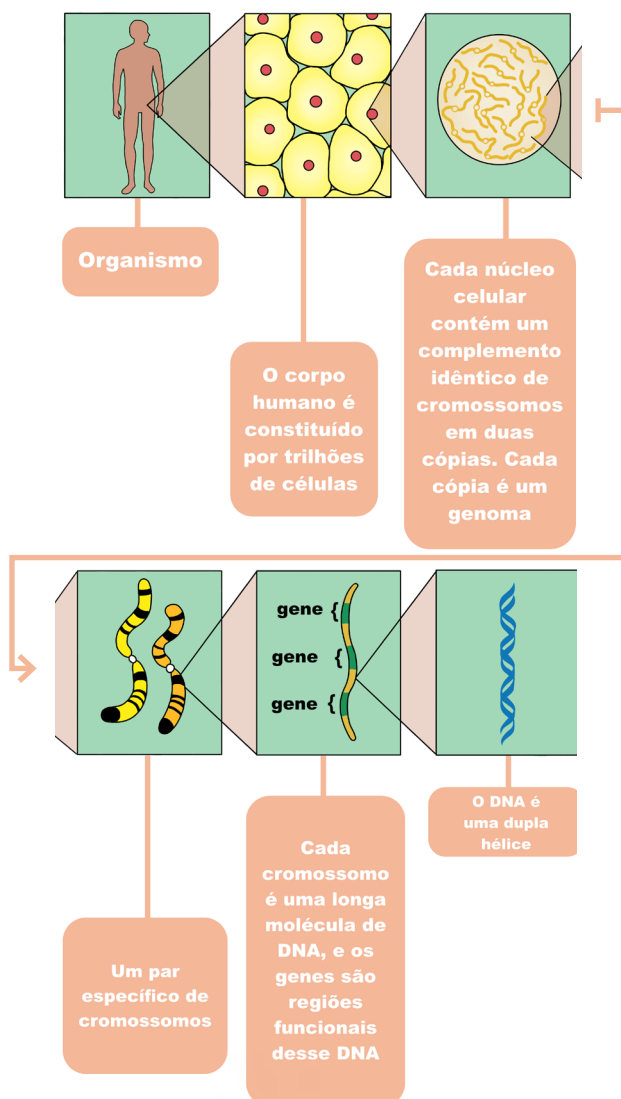


Fonte: Technology Networks (2024)⁵

Os genes estão localizados em estruturas chamadas cromossomos, que são longas moléculas de DNA enroladas e organizadas no núcleo das células eucarióticas (Figura 6). Um exemplo são os 23 pares de cromossomos encontrados nas células de humanos, os quais organizam e armazenam nossos genes. Já os alelos são as diferentes variantes de um gene que podem surgir (Figura 7). Por exemplo, o gene para a cor dos olhos pode ter alelos que definem olhos azuis ou castanhos. São as interações entre esses alelos que geram diversidade biológica, mantendo a benéfica variação de características em organismos.

⁵ As imagens são adaptadas de Technology Networks: <https://www.technologynetworks.com/proteomics/articles/exploring-the-latest-advances-in-transcriptomics-382260>. Acesso em: 5 fev. 2025.

Figura 6: Cada célula de um organismo diploide possui dois conjuntos de genoma herdados dos genitores. O genoma se organiza na forma de cromatina, quando a célula está em interfase, ou em cromossomo, quando se encontra em divisão celular. Os genes são as regiões funcionais presentes no cromossomo. Mas, vale lembrar que o cromossomo é constituído de DNA altamente compactado

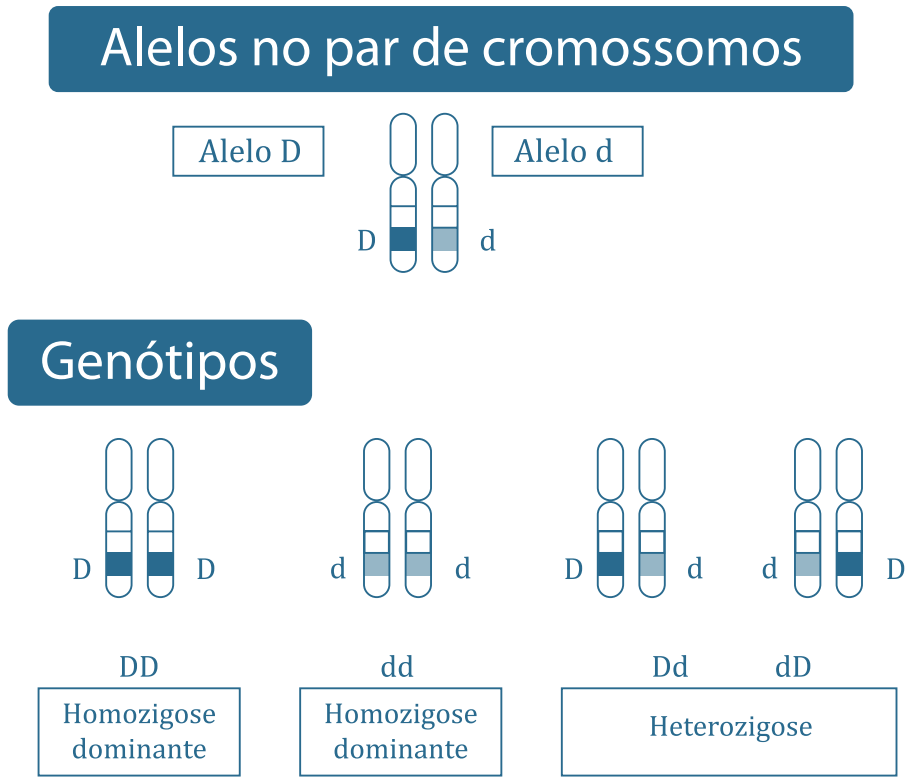


Fonte: Anthony Griffiths (2006)⁶

⁶ As imagens são adaptadas de: GRIFFITHS, A. *Introdução à Genética*. 8. ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2006.

O genótipo se refere à composição genética única de um organismo em relação a um conjunto específico de genes ou alelos (Figura 7). Imagine duas plantas possuindo o genótipo para altura elevada; enquanto ambas têm o potencial genético, apenas aquelas em condições ideais, como solo fértil e luz solar, realmente crescem mais alta. Este fenômeno traduz-se no fenótipo, que é a expressão observável ou mensurável deste genótipo, frequentemente moldada pela interação entre os genes e o ambiente.

Figura 7: Ilustração de alelos, genótipos, dominância e recessividade



Fonte: Teste da Bochechinha (2023)⁷

⁷ Disponível: <https://testedabochechinha.com.br/alelos-genotipagem-parental/>. Acesso em: 5 fev. 2025.

Ainda sobre a interação genética, a dominância e recessividade dizem respeito às maneiras com que os alelos interagem entre si (Figura 7). Um alelo dominante vai notavelmente se manifestar mesmo quando estão presentes pareado de um alelo recessivo, tal como uma planta que produz flores de cor roxa, mesmo se tiver um alelo, para a cor branca. Por outro lado, um alelo recessivo se manifesta quando ambos os alelos do par são recessivos, como aconteceria num cenário de flores que somente são brancas quando em condições com dois alelos recessivos desse tipo. Essa dinâmica explica por que certas características dominantes, como cabelos escuros em seres humanos, se veem mais comumente em populações, enquanto traços recessivos, como olhos azuis, podem saltar gerações até que se encontrem com a combinação genética para serem exibidos.

A compreensão desses conceitos não apenas ilumina os mecanismos que sustentam a biodiversidade, mas também potencializa o aprimoramento da medicina personalizada que visa tratamentos adaptados ao genoma individual, desenvolvimento de cultivos geneticamente melhorados para maior resistência e rendimento agrícola, e avanços em tratamentos éticos para doenças hereditárias. A iminente exploração deste campo, embora desafiador, traduz-se em uma valiosa jornada de descoberta científica que lança luz sobre a intrincada sinfonia da vida biológica.

Desvendando os segredos da hereditariedade: como genes criam diversidade e evolução

No capítulo **Desvendando os segredos da hereditariedade: como genes criam diversidade e evolução**, o leitor será guiado por uma análise detalhada e esclarecedora dos mecanismos fundamentais que sustentam a **hereditariedade** e promovem a **diversidade genética**. Serão abordados processos cruciais, como a **segregação independente**, o **crossing-over** e as **mutações genéticas**, destacando como esses fenômenos contribuem para a evolução biológica e a adaptação das espécies aos ambientes em constante mudança.

A proposta do capítulo é apresentar esses mecanismos de forma clara e acessível, demonstrando como eles desempenham papéis centrais na manutenção da biodiversidade e no avanço das ferramentas científicas modernas, ao mesmo tempo em que conectam o conhecimento genético ao entendimento da evolução.

Para alcançar seus propósitos educacionais, este capítulo busca:

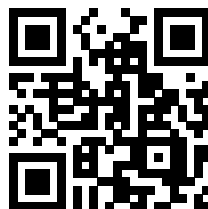
- **Apresentar os conceitos-chave** que explicam como a diversidade genética é gerada e sua importância nos processos evolutivos;
- **Demonstrar, com exemplos práticos**, a relação direta entre os mecanismos genéticos e a adaptação biológica, evidenciando a inovação e a evolução das espécies;
- **Contextualizar o papel central da Genética** no estudo da biodiversidade e em suas aplicações científicas e tecnológicas no mundo contemporâneo.

Com esta abordagem, o capítulo não apenas elucida os fundamentos genéticos e evolutivos, mas também oferece materiais complementares, como vídeos, para fortalecer a compreensão e tornar o aprendizado mais envolvente. Esses conteúdos podem ser acessados facilmente por meio dos QR Codes a seguir.

Meiose

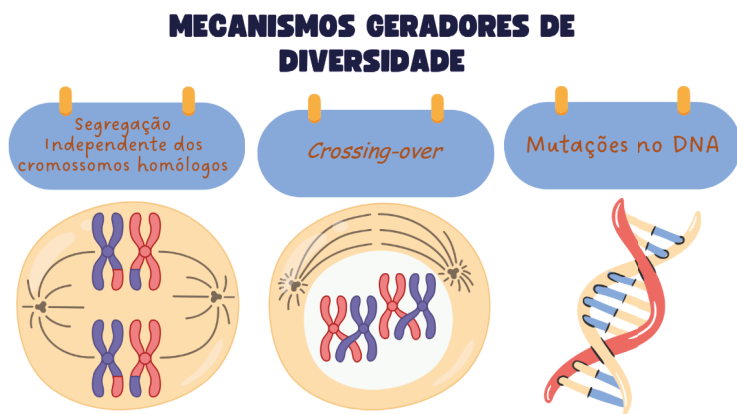


O que são Mutações e Variantes Genéticas



No campo da Genética, a hereditariedade é explicada através de três mecanismos fundamentais: segregação independente, *crossing-over* e mutação genética, cada um contribuindo de forma única para a geração de diversidade e Evolução Biológica (Figura 8).

Figura 8: Ilustração dos mecanismos moleculares que contribuem para a geração de diversidade biológica



Fonte: Elaborada pelas autoras⁸

A segregação independente dos alelos de um par gênico ou de genes é um fenômeno crucial que ocorre durante a meiose, fase do ciclo celular em que os gametas são formados (Figura 9).

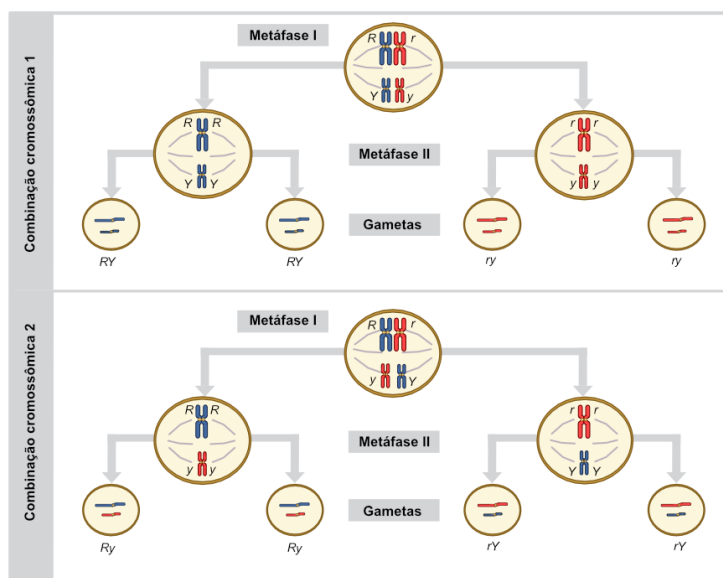
⁸ Adaptado de: URRY, L. A. *et al.* (orgs.). *Biologia de Campbell*. 12. ed. PortoAlegre: Artmed, 2022.

Durante este processo, os cromossomos homólogos, carregando diferentes versões de genes (alelos), são distribuídos aleatoriamente nos gametas. Essa separação aleatória não só redefine as possibilidades genéticas de cada gameta, mas também garante que cada célula reprodutiva contenha um conjunto de alelos único (Futuyma; Kirkpatrick, 2017). Esta aleatoriedade é essencial para a variabilidade genética das populações (Marston; Amon, 2004). O impacto da segregação independente dos alelos de um par gênico ou de genes na diversidade genética é profundo. A chance de cada gameta receber combinações variadas de alelos dos pais cria uma gama quase infinita de genótipos possíveis entre os descendentes. Esta diversidade genética é um dos pilares da capacidade adaptativa de uma espécie, proporcionando a flexibilidade genética necessária para que alguns indivíduos dentro da população se adaptem eficientemente a novas pressões ambientais ou a mudanças no ecossistema (Futuyma; Kirkpatrick, 2017). Por exemplo, em humanos, a variedade de características fenotípicas observadas, como a coloração dos olhos, demonstra a importância deste mecanismo. Diferentes combinações de alelos podem resultar em pigmentações oculares variadas, que em algumas circunstâncias, por exemplo, em diferentes exposições à luz solar, poderiam trazer vantagens adaptativas em termos de proteção ocular ou sinalização social. Além disso, essa variabilidade possibilita que a seleção natural atue favorecendo aqueles indivíduos cujas combinações alélicas oferecem maior vantagem de sobrevivência e reprodução em contextos específicos (Futuyma; Kirkpatrick, 2017). Portanto, a segregação independente gera combinações genéticas únicas necessárias para que as populações mantenham sua resiliência em face de ambientes dinâmicos e incertos. Esta variabilidade não só suporta a continuidade das populações ao oferecer várias estratégias genéticas para enfrentar adversidades, como também cria as condições para inovações evolucionárias que podem conduzir ao surgimento de novas características

adaptativas ou até novas espécies ao longo do tempo evolutivo. A segregação independente, nesse sentido, não é somente uma ferramenta de manutenção genética, mas, sim, um alicerce de transformação adaptativa contínua das espécies.

Figura 9: Ilustração da segregação independente. A explicação sobre a segregação independente durante a meiose I mostra como a orientação aleatória dos pares de cromossomos homólogos leva à formação de gametas com diversas combinações de alelos, como RY, Ry, rY e ry.

Isso ocorre porque, durante a metáfase I, os cromossomos “vermelhos” e “azuis” se distribuem aleatoriamente. Genes em cromossomos diferentes, ou distantes no mesmo cromossomo, como os da cor e forma das sementes de ervilha, segregam independentemente devido à recombinação gênica através do *crossing-over* no início da meiose



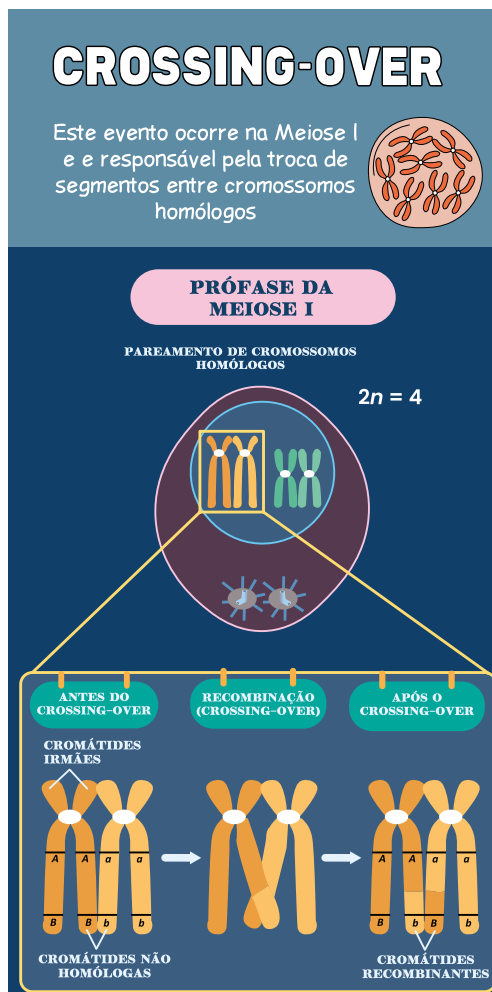
Fonte: Khan Academy⁹

O mecanismo de *crossing-over* desempenha um papel fundamental na Genética ao aumentar a diversidade genética durante a meiose. Este processo acontece na fase de prófase I, onde cromossomos homólogos se emparelham e trocam segmentos

⁹ As imagens são adaptadas de: <https://pt.khanacademy.org/science/ap-biology/heredity/mendelian-genetics-ap/a/the-law-of-independent-assortment>. Acesso em: 5 fev. 2025.

equivalentes de material genético. Durante essa interação, os cromossomos se alinham de modo que partes de cada um sejam intercambiadas, criando arranjos de genes que eram inéditos nos pais (Figura 10).

Figura 10: Ilustração do evento de *crossing-over* entre dois cromossomos homólogos hipotéticos



Fonte: Imagens adaptadas de LabXchange (2022)¹⁰

¹⁰ Disponível em: https://www.labxchange.org/library/pathway/lx-pathway:b76c7a4e-ff13-482c-8819-72e5f07024c9/items/lb:LabXchange:b6b7265b:lx_image:1/56260. Acesso em: 5 fev. 2025.

A importância do *crossing-over* se manifesta em vários níveis. Inicialmente, ele gera variabilidade genética dentro de uma população ao criar genótipos, o que oferece diversidade fundamental à sobrevivência e adaptação das espécies (Hunter, 2018). Em cenários de mudança ambiental, essa diversidade fornece um conjunto de combinações genéticas que podem melhor enfrentar novas condições, promovendo vantagens adaptativas em certos organismos. Isso permite uma capacidade de evolução, possibilitando que populações respondam rapidamente a pressões seletivas, como o surgimento de doenças, transformações no habitat ou alterações climáticas. Um exemplo prático do benefício do *crossing-over* pode ser observado em organismos como bactérias, que, apesar de serem organismos procariontes, podem trocar material genético via conjugação, resultando em recombinação genética similar. Quando confrontadas com o uso de antibióticos, bactérias que conseguem integrar genes favoráveis através dessas trocas melhoram suas chances de sobrevivência, além de propagarem combinações genéticas que conferem resistência a antibióticos. Essa habilidade de recombinar material genético destaca a importância evolucionária do *crossing-over* e processos análogos (recombinação), ao mesmo tempo revelando o desafio significativo que isso representa na medicina moderna. Além disso, o *crossing-over* inspira algoritmos genéticos em inteligência artificial, onde processos biológicos de seleção natural e recombinação são simulados para otimizar soluções para problemas complexos (Rahbari *et al.*, 2016). Este exemplo ilustra como a compreensão desse fenômeno natural pode ser aplicada às tecnologias avançadas. Assim, o *crossing-over* contribui para a evolução e adaptação das espécies e serve como um método essencial para gerar resiliência genética, sendo relevante para a evolução (Otto; Gerstein, 2017).

As mutações genéticas desempenham um papel crucial e multifacetado na evolução, introduzindo variantes completamente novas no genoma de uma população. Estas mutações ocorrem de duas maneiras principais: de forma espontânea, através de erros que acontecem naturalmente durante a replicação do DNA, e induzidas por fatores externos, como radiação, produtos químicos e vírus, que afetam o material genético diretamente. Ao alterar a sequência de nucleotídeos no DNA, as mutações podem resultar tanto em novas características fenotípicas quanto em aprimoramentos de funções existentes, alimentando a diversidade genética sobre a qual a seleção natural pode atuar. Ainda que muitas mutações possam ser deletérias, causando disfunções e potencialmente levando à morte celular ou ao organismo enfraquecido, ou neutras, sem causar mudanças fenotípicas significativas, algumas são consideradas adaptativas. Mutações adaptativas introduzem vantagens funcionais essenciais para a sobrevivência e a reprodução. Exemplos de mutações vantajosas são abundantes, incluindo a resistência a doenças em plantas, novas características físicas em animais que aumentam seu sucesso reprodutivo ou mesmo a tolerância a toxinas ambientais. Esses traços benéficos tendem a se propagar rapidamente em populações afetadas por pressões ambientais, demonstrando a eficácia da seleção natural. A evolução das famílias gênicas, como as globinas, ilustra como as mutações têm sido fundamentais neste cenário. A família das globinas inclui importantes moléculas como a hemoglobina e a mioglobina. Através de processos de mutação e duplicação gênica, os genes da família das globinas se diversificaram para desempenhar funções especializadas – a hemoglobina, por exemplo, transporta oxigênio no sangue, enquanto a mioglobina atua como reserva de oxigênio nos músculos. Essa diversificação evidencia uma adaptação funcional crítica para a sobrevivência em uma variedade de ambientes, como altitudes elevadas ou durante demandas fisiológicas intensas (Alberts *et al.*, 2017).

Ademais, mutações cromossômicas, incluindo duplicações, deleções, inversões e translocações, também desempenham um papel crucial na evolução ao reorganizar grandes segmentos do material genético. Tais mutações podem criar oportunidades para inovação gênica, favorecendo a adaptação a novos nichos ecológicos (Alberts *et al.*, 2017). Duplicações cromossômicas, por exemplo, permitem a retenção de cópias extras de genes que podem evoluir funções novas sem perder a função original, ampliando a capacidade adaptativa dos organismos em seus habitats. Translocações, por sua vez, podem alterar a regulação gênica ao alterar o contexto genético, levando a novos padrões de expressão que podem ser explorados evolutivamente. Em conjunto, essas mutações introduzem uma complexidade rica e dinâmica no genoma, permitindo que organismos se afastem de suas ancestrais molduras funcionais para explorar novas possibilidades biológicas, demonstrando como a vida na Terra é continuamente remodelada por processos genéticos subjacentes (Albert *et al.*, 2017). A capacidade de inovação genética incentivada por mutações não apenas pavimenta o caminho para a adaptação e sobrevivência, mas também para a diversificação e especiação em um mundo que está em mudança perpétua. Esses mecanismos interagem dentro das populações para atuar como pilares essenciais da diversidade genética e motores da evolução biológica (Futuyma; Kirkpatrick, 2017). Eles enriquecem o *pool* genético e garantem a adaptação contínua, bem como a diversificação das espécies ao longo do tempo, mostrando a capacidade da vida na Terra de se inovar continuamente frente aos desafios evolutivos (Figura 11).

Figura 11: Infográfico apresentando os principais tipos de mutação que podem ocorrer no DNA ou cromossomo



Fonte: Elaborado pelas autoras (2025)¹¹

11 Adaptado de: URRY, L. A. et al. (orgs.). *Biologia de Campbell*. 12. ed. Porto Alegre: Artmed, 2022.

Explorando o mundo da Genética através de metodologias ativas

O capítulo **Explorando o mundo da Genética através de metodologias ativas** convida os leitores a descobrir formas inovadoras de ensino que colocam os estudantes no centro do processo de aprendizado. Aqui, são destacadas as metodologias ativas como ferramentas poderosas para estimular habilidades essenciais, como **pensamento crítico, resolução de problemas e trabalho colaborativo**, tornando o estudo da Genética mais dinâmico, interativo e alinhado aos interesses dos alunos.

Ao longo do capítulo, são apresentados **roteiros práticos e estratégias pedagógicas** que conectam os fundamentos teóricos da Genética a contextos aplicados. As atividades propostas abrangem temas como **hereditariedade, mutações genéticas e alterações cromossômicas**, transformando a sala de aula em um verdadeiro laboratório de ideias e descobertas. Além disso, serão exploradas alternativas como **laboratórios virtuais e práticas integrativas**, que enriquecem o ensino ao trazer a Genética para **situações reais**, preparando os alunos para os desafios do mundo científico e tecnológico.

Este capítulo foi elaborado com o propósito de:

- **Demonstrar como metodologias ativas** podem facilitar a assimilação de conceitos genéticos, muitas vezes considerados complexos pelos estudantes;
- **Apresentar ferramentas e estratégias didáticas** capazes de tornar o ensino da Genética mais estimulante e acessível;
- **Fomentar a conexão entre teoria e prática**, promovendo o desenvolvimento de habilidades investigativas e reflexivas nos estudantes.

Explorar o mundo da Genética através de metodologias ativas oferece uma jornada no qual os estudantes atuam como protagonistas da própria aprendizagem. Esta abordagem fomenta o conhecimento e desenvolve habilidades críticas, como o pensamento analítico, a solução de problemas e a colaboração (Bacich; Moran, 2018). Através de experimentação prática, modelização e uso de ferramentas digitais, os estudantes têm a oportunidade de vivenciar o fascínio da genética de maneira integrada e significativa. No conjunto, a adoção dessas metodologias ativas transforma a sala de aula num espaço dinâmico e envolvente, associando teorias genéticas com aplicações práticas e preparando os estudantes para os desafios e oportunidades de carreiras científicas e tecnológicas no futuro. A aprendizagem construtivista que resulta dessas práticas valoriza a curiosidade inata dos estudantes e lhes dota com uma base sólida e versátil, essencial para enfrentar os avanços contínuos na genética e suas aplicações transversais na sociedade (Bacich; Moran, 2018).

Modelos didáticos representacionais

No ensino da Genética, modelos didáticos representacionais desempenham um papel essencial na compreensão de conceitos abstratos, como alterações cromossômicas e a estrutura do DNA, ao transformar ideias complexas em experiências visuais tangíveis (Freitas; Souza, 2019). Os modelos tridimensionais de cromossomos, por exemplo, permitem aos estudantes visualizar anomalias e eventos como a não disjunção, ilustrando alterações como deleções e duplicações, e efetivamente conectando teoria e prática. Para explorar a estrutura do DNA, modelos de dupla hélice com sistemas de encaixe das bases nitrogenadas possibilitam que os alunos entendam como a sequência de nucleotídeos codifica informações genéticas, além de reforçar o entendimento do pareamento de bases e da replicação do DNA.

Estes modelos incentivam a colaboração e a discussão em grupo, estimulando o raciocínio crítico e a aplicação prática do conhecimento adquirido (Freitas; Souza, 2019). Ademais, eles auxiliam os professores a tornar teorias complexas mais acessíveis, preparando os alunos para avanços em genética, medicina e biotecnologia, desenvolvendo habilidades de investigação e pensamento crítico necessárias (Silva Filha; Silva; Freitas, 2016; Silva; Rodrigues; Freitas, 2017).

Neste tópico, apresentamos duas propostas de modelização aplicadas para o estudo dos cromossomos e do DNA. Essa abordagem modelística pode ser adaptada para englobar diversos assuntos dentro da Genética e Evolução Biológica. Por exemplo, ao simular cenários evolutivos ou processos seletivos, os modelos podem ilustrar conceitos como variação genética, seleção natural e adaptação. Isso torna os modelos ferramentas adaptáveis e eficazes no ensino de ciências, permitindo uma aprendizagem mais envolvente e integrada, que abre caminho para a exploração de tópicos inter-relacionados.

Roteiro Prático - Modelização para representar as alterações cromossômicas estruturais	
Assunto	<i>Alterações cromossômicas estruturais.</i>
Objetivo da atividade	<i>Compreender as alterações cromossômicas estruturais através da construção de modelos didáticos.</i>
Material	<i>Massinha de modelar de cores diversificadas.</i>
Procedimento	<i>Organizar os estudantes em grupos com 4 ou 5 participantes. Cada grupo ficará responsável por construir modelos didáticos que representam um tipo de alteração cromossômica.</i> Grupo 1 – Translocação Organizar um par de cromossomos homólogos formados por cinco segmentos de cores diferentes.

	Posicionar o centrômero para que os cromossomos assumam uma morfologia submetacêntrica. Representar o centrômero com massa de modelar. Representar a duplicação dos cromossomos. Com a duplicação do cromossomo, o centrômero também duplica. Emparelhar os cromossomos de modo que os centrômeros fiquem desalinhados entre si. Idealmente, o último segmento das cromátides irmãs de um dos cromossomos duplicados deve ficar paralelo ao penúltimo segmento das cromátides não irmãs do outro cromossomo homólogo. Simular a ocorrência de uma recombinação envolvendo esses últimos segmentos nos braços longos das cromátides não irmãs dos cromossomos homólogos. Apenas uma cromátide em cada cromossomo homólogo se envolverá na permuta, ficando as demais inalteradas. Simular a disjunção das cromátides irmãs em cada um dos cromossomos duplicados após a permuta. Cada um dos cromossomos-filhos resultantes da disjunção ocorrida na anáfase II estará presente em um gameta distinto ao final da meiose.
	Grupo 2 – Inversão Pericêntrica Representar um par de cromossomos homólogos meta ou submetacêntrica utilizando uma mesma cor de massa de modelar. Simular duas quebras em um dos cromossomos homólogos: uma ocorrendo no braço longo, imediatamente abaixo do centrômero, e outra na região situada abaixo do telômero do braço curto. Inverter em 180° o segmento contendo o centrômero antes dele ser religado ao cromossomo. Colocar o cromossomo que sofreu a inversão pericêntrica ao lado do seu homólogo normal, para comparação. Grupo 3 – Translocação Robertsoniana Esquematizar dois pares de cromossomos homólogos, acrocêntrico pequeno (cromossomo 21) e outro acrocêntrico médio (cromossomo 14), com massas de cores diferentes. Separar um componente de cada par de homólogos e representá-los em interfase, reservando os outros dois cromossomos de cada par. Realizar duas quebras, sendo uma imediatamente abaixo do centrômero, no braço

	longo do cromossomo 21 e outra no braço curto do cromossomo 14. Em seguida, o braço longo do cromossomo 21 deve ser ligado ao braço curto do cromossomo 14 na altura da quebra. Os demais segmentos gerados após as quebras e religação dos cromossomos devem ser eliminados. Representar a duplicação dos cromossomos. Simular a segregação durante a anáfase I da meiose de modo que uma célula receba os cromossomos normais e a outra célula o cromossomo fusionado. Promover a separação dos cromossomos durante a anáfase I de forma que uma das células-filhas receba o fusionado juntamente com o cromossomo 21 normal, enquanto a outra célula-filha herda o cromossomo 14 normal. Grupo 4 – Translocação Recíproca Representar dois cromossomos heterólogos em interfase, construídos com massas de coloração distinta. Para cada um dos cromossomos, os estudantes deverão fazer o homólogo correspondente de mesma cor e reservar. Promover a troca de segmentos entre os cromossomos heterólogos de modo a reproduzir uma translocação simples. Esquematizar uma translocação recíproca entre esses mesmos cromossomos. Representar a duplicação dos cromossomos. Simular o emparelhamento entre os cromossomos homólogos normais e os cromossomos resultantes de translocação recíproca durante a metáfase I da meiose, reproduzindo a configuração quadrirradial (em cruz) característica. A partir da configuração quadrirradial, simular a segregação alternada durante a anáfase I, em que uma das células-filhas receberá os dois cromossomos normais, enquanto a outra célula-filha os dois cromossomos translocados. A partir da configuração quadrirradial, simular a segregação adjacente-1 na qual os centrômeros homólogos separam-se durante a anáfase I. Simular a segregação adjacente-II, que é mais rara, e na qual os centrômeros homólogos seguem juntos para a mesma célula-filha.
--	---

Discussão	Grupo 1 – Translocação: (a) Os rearranjos cromossômicos decorrentes desse processo são do tipo balanceado ou não-balanceado? Grupo 2 – Inversão Pericêntrica: (a) Em relação à posição do centrômero, qual passa a ser a morfologia do cromossomo que sofreu inversão pericêntrica? (b) Caso o segmento invertido não envolvesse o centrômero (inversão paracêntrica), também seria esperada alguma consequência sobre a morfologia cromossômica? Grupo 3 – Translocação Robertsoniana: (a) Os gametas, gerados a partir da segregação meiótica proposta no item d, serão geneticamente balanceados ou não-balanceados? Quantos cromossomos haverá em cada um? (b) Os gametas, gerados a partir da segregação meiótica proposta no item e, serão geneticamente balanceados ou não-balanceados? Quais seriam as consequências caso esses gametas venham a se envolver em processos de fecundação com gametas normais? Grupo 4 – Translocação Recíproca: (a) Os gametas, produzidos a partir da segregação alternada na anáfase I, serão balanceados ou não-balanceados? (b) Os gametas produzidos a partir da segregação adjacente-1 e adjacente-2 serão balanceados ou não-balanceados? Quais os tipos de mutações cromossômicas presente nesses gametas?
Tempo da atividade	Aproximadamente 120 minutos.
Referência	Adaptado de Ribeiro e Silva, 2016.

Roteiro Prático – Modelo tridimensional da estrutura química dos ácidos nucleicos	
Assunto	Estrutura química dos ácidos nucleicos.
Objetivo da atividade	Esta atividade visa complementar o estudo sobre a estrutura química dos ácidos nucleicos através da construção de um modelo tridimensional da molécula de DNA.
Material	Palitos de dente / dois fios de arame flexíveis, com 30 cm cada / jujubas coloridas.
Procedimento	Definir as cores das jujubas que irão representar as bases nitrogenadas; Realizar a união entre as bases nitrogenadas utilizando os palitos de dente. A quantidade de palitos de dente deverá refletir as ligações de hidrogênio; Inserir as duplas nos fios de arame; Torcer os fios até que a estrutura apresente uma forma helicoidal.
Para pesquisar e refletir	Qual o tipo de ligação química está sendo representado pelo palito de dente? Explique o que são ilhas CpG e a relevância para a regulação da expressão gênica? Qual tipo de base nitrogenada poderá sofrer metilação? Para a sua resposta, considere apenas o DNA humano.
Tempo da atividade	Aproximadamente 60 minutos.
Referência	Atividade elaborada pelas autoras.

Experimentação científica

A experimentação científica no ensino da Genética e da Evolução Biológica é uma abordagem poderosa que facilita o entendimento de conceitos complexos e abstratos. Uma atividade especialmente eficaz nesse contexto é a extração de DNA, que oferece aos estudantes uma experiência prática real de interação direta com o material genético. Durante esse processo, os alunos podem isolar e observar o DNA de células, fortalecendo sua compreensão dos princípios fundamentais da hereditariedade e variação genética, como a segregação e o cruzamento de genes. Isso permite o teste de hipóteses e a observação de resultados reais, conectando o conhecimento teórico à prática.

Além disso, a experimentação é valiosa para demonstrar os processos de seleção natural e adaptação, pilares da Evolução Biológica. Ao simular ambientes em mudança e observar como diferentes traços genéticos afetam a sobrevivência e a reprodução, os alunos conseguem captar melhor como forças evolutivas moldam as populações ao longo do tempo. Com a atividade de extração de DNA, os alunos têm a oportunidade de explorar diretamente a estrutura molecular que é essencial tanto para a genética quanto para a evolução. Esta abordagem prática não somente enriquece o aprendizado, mas também inspira o pensamento crítico e a análise evolucionária, preparando os alunos para enfrentar desafios científicos atuais e futuros. Assim, a experimentação na educação genética e evolutiva, reforçada por atividades como a extração de DNA, promove uma compreensão plena e aplicada destes campos dinâmicos da ciência.

Neste tópico, apresentamos uma proposta de experimentação científica fundamentada na prática de extração de DNA de cebola. Essa abordagem pode ser ampliada para outras fontes de amostras biológicas e contextualizada com diferentes assuntos em Genética e Evolução.

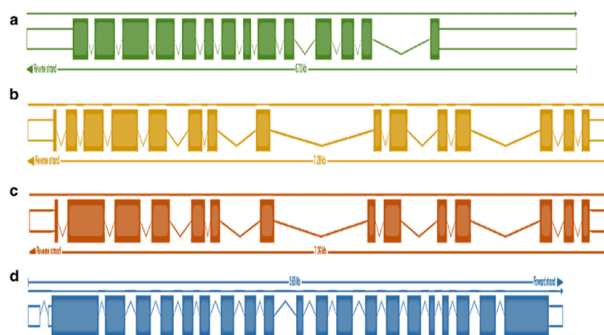
Roteiro Prático – Experimentação Científica para obtenção de DNA genômico vegetal	
Assunto	Molécula de DNA
Objetivo da atividade	Possibilitar a visualização do DNA de forma simples e prática.
Material	Uma cebola grande e descascada; Faca de cozinha; 500 ml de água quente (60° C); Dois copos americanos de vidro com capacidade para 250 ml; 100 g de sal de cozinha; 500 ml de água destilada/filtrada; 250 ml de detergente neutro; 250 ml de álcool etílico 92,8% gelado; Um bastão fino de vidro; Uma colher de chá e de sopa; Gelo picado; Recipiente para o gelo; Pilão; Papel toalha; Coador e papel filtro; Banho-Maria.
Procedimento	Pique a cebola em pedaços (0,5 cm) e macere com o auxílio do pilão. No copo americano, coloque quatro colheres de sopa de detergente neutro, uma colher de chá de sal e adicione água até a metade, mexa bem até dissolver completamente. Coloque a cebola picada no copo com a solução detergente/sal e leve ao banho-maria por 15 minutos. Retire o copo do banho-maria e resfrie-o rapidamente, colocando-o no recipiente com gelo. Aguarde por 5 minutos. Coe a mistura no coador de papel, recolhendo o filtrado em um copo americano limpo. Com cuidado, adicione meio copo americano de álcool gelado ao líquido filtrado, deixe-o escorrer vagarosamente pela borda para formar duas fases: a superior, alcoólica, e a inferior, aquosa. Mergulhe o bastão do copo e, com movimentos circulares, misture as fases. Até obter fios esbranquiçados (aglomerados de moléculas de DNA).
Discussão	Qual é a função do detergente, do sal e do álcool para a obtenção do DNA? Quais são os componentes químicos do DNA?
Tempo da atividade	Aproximadamente 60 minutos.
Referência	Freitas e Souza, 2019.

Práticas integrativas

Os exercícios de fixação contextualizados, ou práticas integrativas, são uma metodologia interessante para ensinar conceitos elementares em Genética e Evolução. Ao vincular conteúdo teórico a cenários do mundo real, esses exercícios permitem que os alunos apliquem e compreendam melhor princípios como hereditariedade e seleção natural. Essa abordagem promove o desenvolvimento de habilidades críticas, como resolução de problemas e análise de dados, além de fomentar a curiosidade e o pensamento crítico. Portanto, são ferramentas valiosas na educação científica, facilitando uma aprendizagem mais ativa e engajada. Este tópico apresenta duas propostas de práticas integrativas: uma voltada à compreensão dos conceitos básicos sobre o fluxo da informação genética e outra focada em alterações cromossômicas, oferecendo, assim um conjunto abrangente de ferramentas para uma educação em genética mais eficaz e prática.

Roteiro Prático – Fluxo da informação genética	
Assunto	Estrutura do gene eucariótico, transcrição e tradução.
Objetivo da atividade	Compreender como ocorre o fluxo da informação genética por meio da transcrição e tradução.
Material	Roteiro da atividade.
Procedimento e discussão	Atividade 1: Esquematize uma sequência de DNA composta por 15 pares de bases à sua escolha e indique as extremidades 5'e 3'. A partir dessa sequência qual seria a fita 3'-5', ou seja, a fita molde, também denominada antisenso. Qual seria a sequência do RNA resultante? Utilize a sequência de mRNA resultante para prever a sequência de aminoácidos. Para isso, utilize uma tabela do código genético da sua preferência.

Atividade 2: Abaixo está o esquema de 4 proteínas SuSy, sucrose sintase, provenientes de cana-de-açúcar. Analise a imagem e responda as questões:



Cada “caixinha colorida” representa um éxons. As ligações entre as “caixinhas coloridas” são os íntrons. No início e no final de cada gene tem as sequências regulatórias não traduzidas.

Qual sequência gênica é a maior?

Quantos exóns e íntrons tem cada Susy?

Atividade 3: A tabela abaixo contém informações sobre o tamanho RNA mensageiro (RNAm) e da proteína que são produzidos a partir da transcrição e tradução dos quatro genes SuSy. Analise os dados contidos na tabela e responda as questões:

<i>Gene</i>	<i>Tamanho do RNAm</i>	<i>Tamanho da proteína</i>
<i>SuSy 1</i>	<i>2409 nucleotídeos</i>	<i>816 aminoácidos</i>
<i>SuSy 1</i>	<i>4652 nucleotídeos</i>	<i>802 aminoácidos</i>
<i>SuSy 1</i>	<i>2950 nucleotídeos</i>	<i>809 aminoácidos</i>
<i>SuSy 1</i>	<i>2632 nucleotídeos</i>	<i>857 aminoácidos</i>

Qual SuSy produz a proteína de maior tamanho?

A maior sequência gênica resulta no maior RNAm e na maior proteína? Discuta.

Tempo da atividade

Aproximadamente 60 minutos.

Referência

Adaptado de Thirugnanasambandam *et al.* 2019.

Roteiro Prático – Análise de Cariótipos (Figura 12)	
Assunto	Citogenética.
Objetivo da atividade	Análise do cariótipo humano, a montagem do cariótipo e o diagnóstico das anomalias cromossômicas.
Material	Tesoura / Cola escolar / Kit com os cromossomos.
Procedimento	Organizar os estudantes em grupos com 4 ou 5 participantes. Cada grupo receberá um kit contendo: cariótipo modelo (Figura 1), prancha para colar os cromossomos (Figura 2) e um dos quatro Caso de Estudo (Figuras 3 a 6). Após a recepção do kit, cada grupo deverá: Cortar os cromossomos presentes do Caso de Estudo; Colar os cromossomos cortados na prancha (Figura 2), seguindo como orientação o cariótipo modelo; Responder às questões que acompanham o Caso de Estudo.
Questões para pesquisar e refletir	Identifique o tipo de alteração cromossômica presente no cariótipo. Indique os possíveis mecanismos que podem gerar a alteração cromossômica presente no seu Caso de Estudo. Indique as principais características presentes nos portadores da alteração cromossômica identificada no seu Caso de Estudo.
Tempo da atividade	Aproximadamente 120 minutos.
Referência	Imagens dos cromossomos adaptadas a partir de: https://www.macmillanlearning.com/college/us/product/Genetics-Essentials-Update/p/1319524761?selected_tab=Content%20Material Atividade elaborada pelas autoras.

Figura 12: Infográfico apresentando exemplos de cariótipos humanos normais e com alterações cromossômicas



Fonte: Imagens adaptadas de W. H. Freeman and Company (2005)¹²



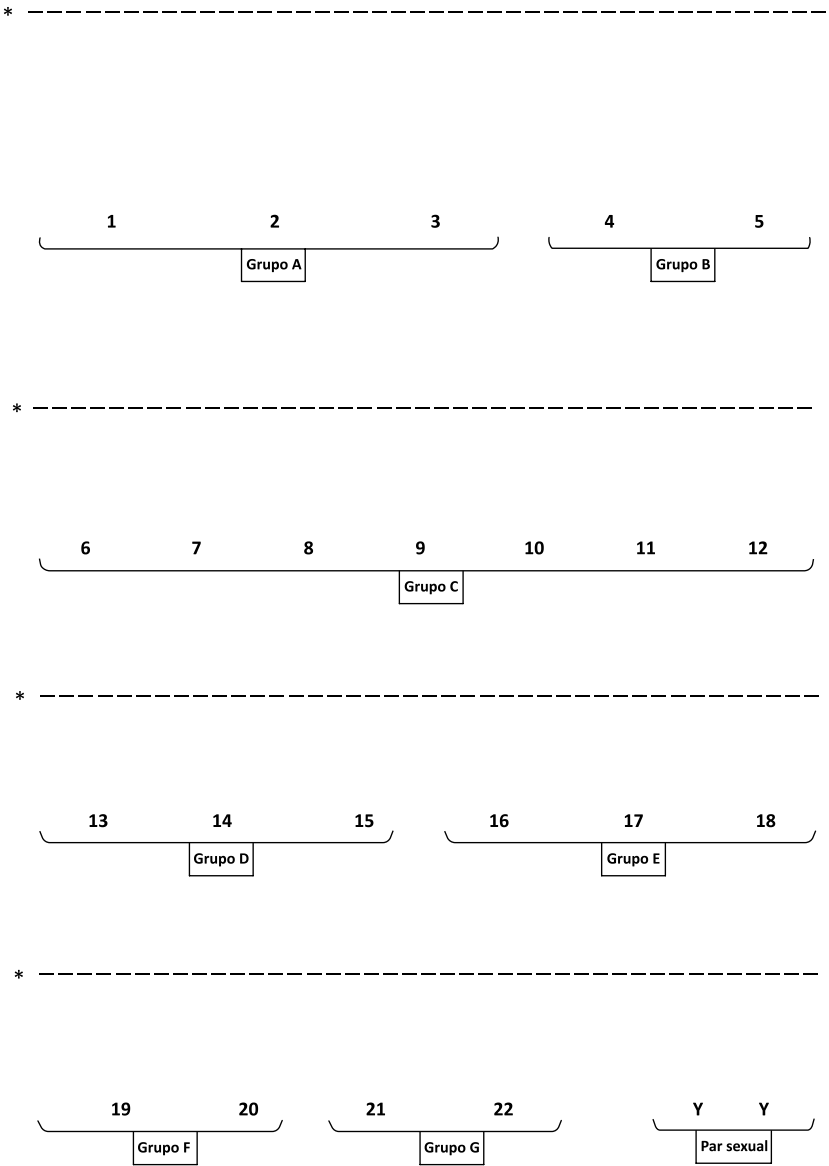
Fig. 09-23
Genetics, Second Edition
© 2005 W.H. Freeman and Company

CARIÓTIPO MODELO (FIGURA 1)

Fonte: W. H. Freeman and Company (2005)

¹² Disponível em: <https://cursoenemgratuito.com.br/cromossomos-cariotipos-sindromes-biologia-enem/>. Acesso em: 05 fev. 2025.

PRANCHA (FIGURA 2)



Fonte: W. H. Freeman and Company (2005)



CASO DE ESTUDO 1 (FIGURA 3)

Fonte: W. H. Freeman and Company (2005)



CASO DE ESTUDO 2 (FIGURA 4)

Fonte: W. H. Freeman and Company (2005)



CASO DE ESTUDO 3 (FIGURA 5)

Fonte: W. H. Freeman and Company (2005)



CASO DE ESTUDO 4 (FIGURA 6)

Fonte: W. H. Freeman and Company (2005)

Laboratório virtual

O uso de laboratórios virtuais está transformando o ensino de conceitos elementares em Genética e Evolução, estabelecendo-se como uma metodologia ativa altamente eficaz. Ao permitir que os alunos realizem experimentos e simulações em um ambiente digital, os laboratórios virtuais oferecem uma oportunidade singular de explorar processos biológicos de formas que podem ser limitadas em laboratórios tradicionais. Esta abordagem não só subsiste no desenvolvimento de habilidades práticas de investigação, como também promove uma compreensão mais aprofundada de tópicos como hereditariedade, mutações e seleção natural.

Este tópico apresenta duas propostas de atividades em laboratório virtual: uma focada no fluxo de informações genéticas e outra em alterações cromossômicas, oferecendo um conjunto diversificado de ferramentas para uma compreensão efetiva e prática destes conceitos fundamentais.

Roteiro Prático – Análise do genoma de procarioto	
Assunto	Genoma e Genômica.
Objetivo da atividade	Esta atividade visa complementar o estudo sobre o genoma e genes presentes em procarioto.
Material	Roteiro da aula prática /Dispositivo digital (celular, tablet ou computador) /Internet.
Procedimento	Acessar o site do NCBI (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/) Na aba Popular Resources (canto direito), selecionar a opção “Genome”. Na próxima página, selecionar a opção “Gene” (porção superior da página). Digitar no campo da pesquisa o seguinte nome: Escherichia coli str. K-12 substr. MG1655.

	No campo “Select columns” marcar apenas as opções: Gene ID, Gene name, Protein, Symbol, Gene type. Faça uma captura de tela da página e inclua em seu relatório.
Discussão	Com base no resultado obtido responda as questões abaixo: Quantos genes estão presentes no genoma da cepa Escherichia coli str. K-12 substr. MG1655? Informe o nome e o símbolo de dois genes codificadores de proteínas. Quantos aminoácidos estão presentes em cada produto de transcrição? Informe o nome e o símbolo de dois genes de RNA.
Tempo da atividade	120 minutos.
Referência	Elaborado pelas autoras.

Roteiro Prático – Rastreamento de mutações	
Assunto	Mutação, Transcrição e Tradução.
Objetivo da atividade	Esta atividade visa analisar sete sequências mutantes do gene SH3BP2, que causam o Querubismo, assim como realizar a identificação de mutações por alinhamento de sequências de DNA e de aminoácidos, o processo de tradução e a análise de mutações.
Material	Roteiro da Aula Prática / Dispositivo digital (celular, tablet ou computador)/Internet.

Procedimento	Atividade 1: Análise de sequência e a identificação da mutação. Cada sequência nucleotídica obtida de uma pessoa doente deverá ser alinhada com a sequência selvagem (Anexo 1), usando o programa sugerido no roteiro. A troca de nucleotídeo e a posição em que a alteração ocorreu deverão ser anotadas. Para facilitar o encontro da mutação, a sequência obtida de uma pessoa doente é alinhada (nucleotídeos posicionados de acordo com a homologia com outra sequência) com a sequência selvagem (sequência mais frequente na população, de uma pessoa sem a doença), usando o programa disponível em https://www.ebi.ac.uk/jdispatcher/psa/emboss_needle
----------------------------	--

Figura 1: Imagem do site EMBOSS Needle

EMBOSS Needle

Pairwise Sequence Alignment (PSA)

[Job Dispatcher](#)
[Help & Privacy](#)
[Your Jobs](#)
[Input form](#)

[Feedback](#)

Welcome to the new Job Dispatcher website. We'd love to hear your [feedback](#) about the new webpage!

EMBOSS Needle reads two input sequences and writes their optimal global sequence alignment to file.

Input sequence ①

Sequence type

☐ Protein
 ☒ DNA

Paste your sequence here - or use the example sequence

COPIAR E COLAR A SEQUÊNCIA SELVAGEM NESTE ESPAÇO.
 MANTER A IDENTIFICAÇÃO DA SEQUÊNCIA: >selvagem

[Escolher arquivo](#) Nenhum arquivo escolhido

Paste your sequence here - or use the example sequence

COPIAR E COLAR A SEQUÊNCIA QUE SE DESEJA INVESTIGAR
 MANTER A IDENTIFICAÇÃO DA SEQUÊNCIA: >I

[Escolher arquivo](#) Nenhum arquivo escolhido

[Use the example](#)
[Clear sequence](#)
[More example inputs](#)

Parameters

OUTPUT FORMAT ①

pair

▼

More options ▼

Submit

Title

EMBOSS Needle's job

[Submit](#)

Figura 2: Imagem do resultado

EMBOSS Transeq

Sequence Translation (ST)

Job Dispatcher

Help & Privacy

Your Jobs

Input form

Feedback

EMBOSS Transeq translates nucleic acid sequences to their corresponding peptide sequences. It can translate to the three forward and three reverse frames, and output multiple frame translations at once.

Input sequence ⓘ

Paste your sequence here - or use the example sequence

COPIAR E COLAR A SEQUÊNCIA QUE SE DESEJA TRADUZIR

NÃO É NECESSÁRIO FAZER A IDENTIFICAÇÃO DA SEQUÊNCIA (EX: 1)

Escolher arquivo

Nenhum arquivo escolhido

Use the example

Clear sequence

More example inputs

Parameters

FRAME ⓘ

CODON TABLE ⓘ

1

▼

Standard Code

▼

More options ▼

Submit

Title

EMBOSS Transeq's job

Submit

If you use this service, please consider citing the following publication: Search and sequence analysis tools services from EMBL-EBI in 2022. More information about this bioinformatics application can be found in its [bio.tools](#) record.

Please read the provided [Help & Privacy](#) before seeking help from our support staff. If you have any feedback or experienced any issues please let us know via [EMBL - EBI Support](#). Read our [Privacy Notice](#) if you are concerned with your privacy and how we handle personal information.

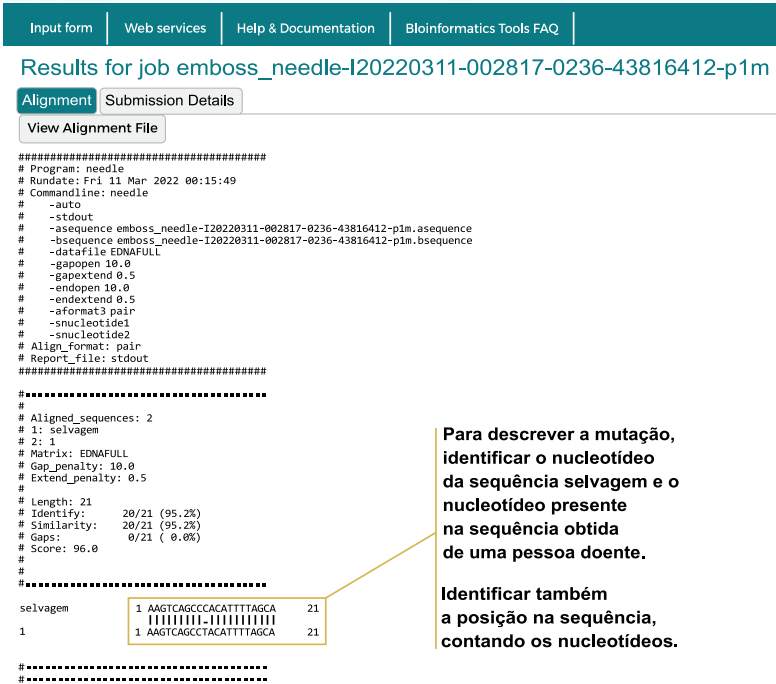
Procedimento

Atividade 2: Tradução de sequência codificante

Como a sequência em que ocorreram as mutações é uma região codificante, podemos realizar a tradução usando o programa disponível em: https://www.ebi.ac.uk/jdispatcher/st/emboss_transeq (Figura 3). Após traduzir as sequências contidas no Anexo 1, copie e cole a sequência com a identificação correta em um arquivo de texto.

62

Figura 3: Imagem do site EMBOSS Transeq para realizar a tradução das sequências



Procedimento

Atividade 3: Identificação da alteração de aminoácido por alinhamento da sequência selvagem com as sequências obtidas em pessoas com querubismo. Por fim, é feita a análise do tipo de mutação, observando se as alterações de nucleotídeos e de aminoácidos. Além das alterações, a característica química dos aminoácidos trocados poderá ser observada para a conclusão sobre o tipo de mutação, seguindo a classificação: mutação sinônima (troca de nucleotídeos, mas não dos aminoácidos), mutação conservativa (troca de nucleotídeos e de aminoácidos, mas os aminoácidos possuem a mesma característica química), mutação de sentido errado (troca de nucleotídeos e troca de aminoácidos com características químicas diferentes), mutação sem sentido (troca de nucleotídeos e troca de um aminoácido por códon de parada). O programa a ser utilizado para alinhar todas as sequências traduzidas está disponível em <https://www.ebi.ac.uk/jdispatcher/msa/clustalo> (Figura 4).

Figura 4: Imagem do site Clustal Omega

Clustal Omega
Multiple Sequence Alignment (MSA)

Job Dispatcher Help & Privacy Your Jobs Input form Feedback

Clustal Omega is a new multiple sequence alignment program that uses seeded guide trees and HMM profile-profile techniques to generate alignments between three or more sequences. For the alignment of two sequences please instead use our pair pairwise sequence alignment tools.

Input sequence ⓘ

Sequence Type
☒ Protein ☐ DNA ☐ RNA

Paste your sequence here - or use the example sequence

COPIAR E COLAR TODAS AS SEQUÊNCIAS DE AMINOÁCIDOS (SELVAGEM + AS SETE SEQUÊNCIAS DE PESSOAS DOENTES). MANTER A IDENTIFICAÇÃO DA SEQUÊNCIA (EX.: 1)

Escolher arquivo Nenhum arquivo escolhido Use the example Clear sequence More example inputs

Parameters

OUTPUT FORMAT ⓘ
 ClustalW with character counts ▼
 More options ▼

Submit

Title
 Clustal Omega's job

Submit

Cada uma das sequências é comparada com a selvagem nos pontos em que há indicação de diferença.

No exemplo da Figura 5, observamos as seguintes diferenças:

Sequência 1 = 5F>I (troca de F por I na posição 5)

Sequência 2 = 3A>P (troca de A por P na posição 3)

Figura 5: Resultado da análise comparativa das sequências traduzidas.

Results for job clustalo-l20220311-181843-0309-72525949-p

Alignments Result Summary Guide Tree Phylogenetic Tree Results Viewers Submit

Download Alignment File Show Colors

CLUSTAL 0(1.2.4) multiple sequence alignment

2	KSPYF	5
selvagem	KSAYE	5
1	KSAY	5

■ ■ ■ ▲

Após o registro das mudanças de nucleotídeos e de aminoácidos, podemos classificar as mutações:

- **Mutação Sinônima**, se observa a alteração na sequência de DNA e não na sequência de aminoácidos;
- **Mutação Conservativa**, se observa a alteração de aminoácido e ambos possuem as mesmas características químicas, o que pode manter a função da proteína, mas não é uma regra;
- **Mutação de Sentido Errado**, se observa a alteração de aminoácidos, que apresentam características químicas diferentes;
- **Mutação Sem Sentido**, quando um códon de aminoácido é trocado por um de término.

A tabela 1 lista os aminoácidos, as diferentes abreviaturas usadas para eles (uma letra e três letras) e suas características químicas. A tabela 2 é uma sugestão para a organização e apresentação dos resultados.

Tabela 1: Siglas dos aminoácidos

Aminoácido	Aminoácido		Característica Química
Ácido glutâmico	E	Glu	ácido
Alanina	A	Ala	alifático
Arginina	R	Arg	básico
Aspatagina	N	Asn	amídico
Aspartato ou ácido aspártico	D	Asp	ácido
Cisteína	C	Cis	com enxofre
Fenilalanina	F	Phe	aromático
Glicina	G	Gli	alifático
Glutamina	Q	Gln	amídico
Histidina	H	His	básico
Isoleucina	I	Ile	alifático
Leucina	L	Leu	alifático
Lisina	K	Lis	básico
Metionina	M	Met	com enxofre

<table><tr><td>Prolina</td><td>P</td><td>Pro</td><td>alifático</td></tr><tr><td>Serina</td><td>S</td><td>Ser</td><td>hidroxilado</td></tr><tr><td>Tirosina</td><td>Y</td><td>Tir</td><td>aromático</td></tr><tr><td>Treonina</td><td>T</td><td>Thr</td><td>hidroxilado</td></tr><tr><td>Triptofano</td><td>W</td><td>Trp</td><td>aromático</td></tr><tr><td>Valina</td><td>V</td><td>Val</td><td>alifático</td></tr></table>				Prolina	P	Pro	alifático	Serina	S	Ser	hidroxilado	Tirosina	Y	Tir	aromático	Treonina	T	Thr	hidroxilado	Triptofano	W	Trp	aromático	Valina	V	Val	alifático
Prolina	P	Pro	alifático																								
Serina	S	Ser	hidroxilado																								
Tirosina	Y	Tir	aromático																								
Treonina	T	Thr	hidroxilado																								
Triptofano	W	Trp	aromático																								
Valina	V	Val	alifático																								
Para discutir e refletir	Preencher a tabela abaixo com as informações obtidas em cada etapa da análise.																										
	Sequência	Alteração nucleotídico	Alteração aminOácido	Tipo de mutação																							
	Pessoa 1 (exemplo)	120T>A	40F>I	sentido errado																							
	Pessoa 2																										
	Pessoa 3																										
	Pessoa 4																										
Tempo da atividade	120 minutos.																										
Referência	Adaptado de Laner Blauth; Romano Santin; Martins dos Santos, 2023.																										

Anexo 1 – Sequências de 282 nucleotídeos de DNA do gene SH3BP2 para análise

> selvagem

CAGGCAGCTTGCCGTCCTCACACAGAGGGTGGA
GTGGGGAGGGGAGCAGAGGGTGGCCGCCCCGTG
CTTGACAGTGAAATGGTCCTGCCTTCCTCTCCC
TGCCCCCTCCAGGCGATACCCCCCGATGGGCAG
AGTTTCAGGAGCTTCTCCTTTGAAAAGCCCCG
GCAACCCTCACAGGCTGACACTGGCGGGGACG
ACTCGGACGAGGACTATGAGAAGGCAAGGCTG
AGCGGCAAGCCTGGGTCCCAGTGGCCAGTAGG
TGGACAGGTGGTGGGAAAGCCA

> 1

CAGGCAGCTTGCCGTCCTCACACAGAGGGTGGA
GTGGGGAGGGGAGCAGAGGGTGGCCGCCCCGTG
CTTGACAGTGAAATGGTCCTGCCTTCCTCTCCC
TGCCCCCTCCAGGCGATACCCCCGCGATGGGCAG
AGTTTCAGGAGCTTCTCCTTTGAAAAGCCCCG
GCAACCCTCACAGGCTGACACTGGCGGGGACG
ACTCGGACGAGGACTATGAGAAGGCAAGGCTG
AGCGGCAAGCCTGGGTCCCAGTGGCCAGTAGG
TGGACAGGTGGTGGGAAAGCCA

> 2

CAGGCAGCTTGCCGTCCTCACACAGAGGGTGGA
GTGGGGAGGGGAGCAGAGGGTGGCCGCCCCGTG
CTTGACAGTGAAATGGTCCTGCCTTCCTCTCCC
TGCCCCCTCCAGGCCATACCCCCCGATGGGCAG
AGTTTCAGGAGCTTCTCCTTTGAAAAGCCCCG
GCAACCCTCACAGGCTGACACTGGCGGGGACG

ACTCGGACGAGGACTATGAGAAGGCAAGGCTG
AGCGGCAAGCCTGGGTCCCAGTGGCCAGTAGG
TGGACAGGTGGTGGGAAAGCCA

> 3

CAGGCAGCTTGCCGTCCTCACACAGAGGGTGGA
GTGGGGAGGGGAGCAGAGGGTGGCCGCCCCGTG
CTTGACAGTGAAATGGTCCTGCCTTCCTCTCCC
TGCCCCCTCCAGGCAATCACCCCCCGATGGGCAG
AGTTTCAGGAGCTTCTCCTTTGAAAAGCCCCG
GCAACCCTCACAGGCTGACACTGGCGGGGACG
ACTCGGACGAGGACTATGAGAAGGCAAGGCTG
AGCGGCAAGCCTGGGTCCCAGTGGCCAGTAGG
TGGACAGGTGGTGGGAAAGCCA

Enriquecendo o ensino básico: a importância da Genética Brasileira na sala de aula

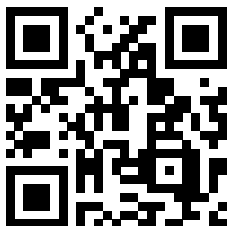
Neste capítulo, intitulado **Enriquecendo o ensino básico: a importância da Genética Brasileira na sala de aula**, exploraremos como a utilização de exemplos de pesquisas genéticas brasileiras pode enriquecer o ensino de Genética na educação básica. O conteúdo vai além dos conceitos tradicionais, como a herança mendeliana, abordando também os resultados de projetos nacionais, como o **Projeto DNA do Brasil** e o **Mapa Genoma Brasil**, que têm grande potencial de integração aos currículos escolares.

Os objetivos são:

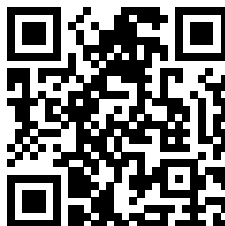
- **Apresentar como as descobertas científicas brasileiras em genética** podem conectar conceitos universais à realidade nacional;
- **Encorajar a contextualização de temas como saúde pública, diversidade genética e avanços na agricultura**, expondo aplicações práticas para o cotidiano dos estudantes;
- **Promover o desenvolvimento de uma educação crítica e cidadã**, articulando ética científica e biotecnologia;
- **Estimular o interesse dos alunos por carreiras e pesquisas científicas**, destacando a relevância da ciência brasileira no cenário global.

Para saber mais sobre outras pesquisas genéticas realizadas por pesquisadores brasileiros, acesse os QR Codes abaixo:

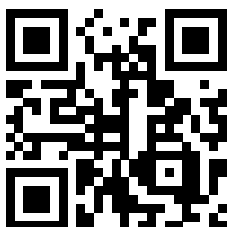
Primeiros passos da especação



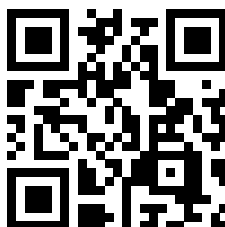
Descoberta de brasileiro que transformou a genética ainda instiga pesquisadores



Geogenômica



Um enxame ordenado



No Brasil, o ensino de genética na educação básica tradicionalmente se concentra em conceitos universais, como a herança mendeliana e o funcionamento do DNA. Entretanto, a integração de exemplos específicos de pesquisas genéticas realizadas no Brasil ainda é pouco explorada nos currículos escolares. Incluir tais exemplos pode proporcionar um enriquecimento significativo para estudantes, ligando o conhecimento acadêmico à realidade do país (Badzinski; Hermel, 2015).

Com o intuito de promover a integração entre os achados das pesquisas realizadas em um contexto nacional e a promoção dessas informações como exemplos de genética para o ensino básico, apresentamos alguns dos projetos, de âmbito nacional, cujos resultados podem ser incorporados nos livros escolares.

Pesquisas de grande escala, como o Projeto Genomas Raros, Mapa Genoma Brasil e o Projeto DNA do Brasil, oferecem dimensões de aprendizagem praticamente inexploradas no nível básico (Silva; Costa, 2021). Apesar de altamente especializados, esses projetos começam a ter aplicações que poderiam ser simplificadas e incluídas nos currículos para ilustrar a importância da pesquisa genômica na medicina personalizada e na saúde coletiva (Teixeira *et al.*, 2020). Nesse contexto, a inclusão de doenças geneticamente influenciadas, como a anemia falciforme, é relevante para contextualizar a genética médica (Lima *et al.*, 2019). No Brasil, tal doença é prevalentemente observada entre afrodescendentes, refletindo a composição demográfica do país. Abordar essa condição oferece aos professores a chance de explicar mutações genéticas, codominância, e a importância do diagnóstico e aconselhamento genético (Gomes; Santos, 2020). Assim, prepara os estudantes para questões de saúde pública relevantes, enquanto avança no ensino de biologia de maneira integrada e relevante. Um outro olhar para os resultados dessas pesquisas é sobre a diversidade da população brasileira. Devido à sua rica mistura de populações indígenas, africanas e europeias, o Brasil é um dos países mais diversos geneticamente do mundo (Pena; Santos; Tarazona-Santos, 2020). Estudar a diversidade genética utilizando populações brasileiras pode ilustrar a variação genética como um aspecto da adaptação e evolução, destacando também a importância da preservação cultural e genética dessas comunidades (Escobar, 2020). Isso reforça temas de sua contribuição e resistência ao longo da história, promovendo uma compreensão mais profunda entre os estudantes.

Além disso, o papel da Genética na agricultura brasileira é relevante. Instituições como a EMBRAPA (Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária) têm realizado programas de melhoramento de culturas, desenvolvendo variedades mais resistentes a pragas e mudanças climáticas. A inclusão desses exemplos no ensino básico não só demonstra o uso prático da genética na solução de

problemas agrícolas, mas também conecta o campo científico aos desafios ambientais, educando os estudantes sobre a importância da genética para a soberania alimentar e a sustentação econômica do país.

Incluir exemplos brasileiros nos currículos conecta conceitos universais com a realidade prática nacional (Figura 13). Os estudantes desenvolvem uma compreensão mais holística da genética e reconhecem o talento nacional na pesquisa científica, o que pode despertar maior curiosidade científica e crescente interesse em disciplinas STEM, além de valorizar a ciência na resolução de desafios locais. Por outro lado, ao proporcionar uma formação crítica e informada, esses exemplos facilitam discussões mais amplas sobre ética na pesquisa genética e biotecnologia. Isso é fundamental para promover uma educação cidadã crítica.

Figura 13: Projetos Nacionais para o estudo genômico e com potencial para incorporação na educação básica



Fonte: Elaborada pelas autoras (2025)¹³

Finalmente, inspirar alunos através do destaque para cientistas e pesquisas nacionais pode aumentar o interesse por carreiras em ciência e tecnologia, contribuindo para o desenvolvimento científico contínuo do país. Em suma, a incorporação de estudos genéticos brasileiros no ensino básico não apenas engrandece a experiência educacional, como também permite que os estudantes

13 Informações disponíveis em: **Fonte 1:** <https://www.gov.br/icmbio/pt-br/assuntos/noticias/ultimas-noticias/projeto-genomica-da-biodiversidade-brasileira-coloca-brasil-no-protagonismo-da-pesquisa-cientifica-para-conservacao-de-especies>; **Fonte 2:** <https://genetica.hupes.ufba.br/projeto-genomas-raros-aplicacao-da-genomica-para-o-diagnostico-de-doencas-raras-e-do-risco>; **Fonte 3:** <https://proadi.bp.org.br/mod/page/view.php?id=247>; **Fonte 4:** <https://cloud.google.com/customers/dna-do-brasil?hl=pt-br#:~:text=O%20projeto%20DNA%20do%20Brasil,na%20popula%C3%A7%C3%A3o%20diversificada%20do%20pa%C3%ADs>

entrem em contato direto com a riqueza genética do país e suas significativas contribuições globais, fortalecendo o conhecimento acadêmico e o orgulho nacional dos futuros pesquisadores.



Seção II

Vamos falar de evolução?

O que é evolução?

Definição, importância e principais equívocos

Neste capítulo, intitulado **O que é evolução?**, serão apresentados os fundamentos históricos e teóricos da evolução, desde as ideias pioneiras de Jean-Baptiste Lamarck, Charles Darwin e Alfred Wallace até as teorias evolutivas contemporâneas, como a Síntese Estendida. O capítulo abordará definições fundamentais, destacará a importância do **pensamento evolutivo para a Biologia** e esclarecerá os principais equívocos relacionados ao tema, como a ideia de que a evolução significa “progresso” ou que “o homem veio do macaco”.

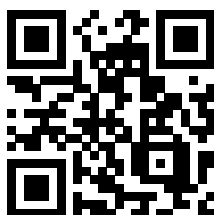
Os objetivos desse capítulo são:

- **Explicar os conceitos centrais da evolução biológica**, destacando sua relevância para a compreensão da biodiversidade e dos processos naturais;
- **Esclarecer mal-entendidos comuns sobre evolução**, como a confusão com progresso ou a linearidade de eventos evolutivos;
- **Apresentar uma visão histórica e crítica sobre o desenvolvimento das teorias evolutivas**, desde Lamarck e Darwin até os avanços modernos;
- **Demonstrar como a evolução influencia áreas práticas**, como a resistência a antibióticos em bactérias e as mutações de vírus, utilizando exemplos atuais;
- **Incentivar uma visão pluralista e informada sobre os mecanismos que explicam a evolução**, contribuindo para um ensino mais consistente e crítico;
- **Ideia de decolonizar os exemplos evolutivos**: estimula o rompimento com a visão eurocêntrica que domina muitos livros didáticos e narrativas científicas e valoriza saberes,

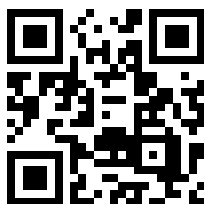
espécies e contextos locais, especialmente de povos indígenas, africanos e latino-americanos.

Para complementar este aprendizado, o capítulo oferece materiais extras, como vídeos e animações, que ajudam a ilustrar os conceitos e exemplos discutidos. Esses recursos podem ser acessados pelos QR Codes a seguir:

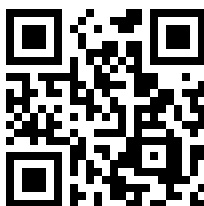
O que é a teoria da evolução de Charles Darwin e o que inspirou suas ideias revolucionárias



Darwin: como viagem ao Brasil influenciou a Teoria da Evolução



Teoria em Construção



A evolução é a base de todas as áreas da Biologia e é essencial para entender o funcionamento e a dinâmica da própria vida, como poderíamos estudar Zoologia, Botânica, Ecologia, Microbiologia e Genética sem o claro entendimento da evolução? Como podemos entender a vida no planeta sem compreender que essa vida passa por mudanças que podem ocorrer num determinado espaço de tempo e que isso terá um impacto em gerações futuras? E como explicar a grande biodiversidade de animais e plantas que existem em nosso planeta? Certa vez, o cientista chamado Theodosius Dobzhansky disse: “Nada na Biologia faz sentido, exceto à luz da Evolução” (Dobzhansky, 1973, p. 125). De fato, a evolução é o eixo que une as demais áreas da Biologia e ajuda a todos a elucidar os processos que envolvem as mudanças da vida na Terra (Colli; Andrade; Bastos, 2021).

O termo *Evolução* foi introduzido em 1852 pelo escritor Herbert Spencer como sinônimo de desenvolvimento biológico para um “nível superior”, sendo que esta palavra foi incorporada por Charles Darwin (conhecido como o pai da Evolução) alguns anos mais tarde em sua obra *A Origem das Espécies*. Em conformidade com o conceito geral de evolução, o termo passou a ser utilizado por outras áreas das ciências naturais, como física e geografia, bem como nas questões linguísticas, econômicas e sociais (Kutschera, 2013). Entretanto, aqui nesta obra abordaremos a evolução na perspectiva da Biologia Evolutiva, que investiga o problema relativo à origem e ao desenvolvimento dos seres vivos que habitam o nosso planeta.

Para aprender o que é Evolução, primeiramente, temos que entender o que NÃO é evolução. Evolução não é somente uma teoria, mas também um fato. Existem evidências evolutivas que respaldam essa área da ciência, uma vez que são provas de que os seres vivos sofrem mudanças ao longo do tempo, dentre elas estão os registros fósseis e os órgãos vestigiais (Ridley, 2006; Futuyma, 2009). Outro equívoco evolutivo é considerar que a evolução é sinônimo de progresso ou melhoria. Muito embora alguns professores até hoje possuem essa concepção de evolução

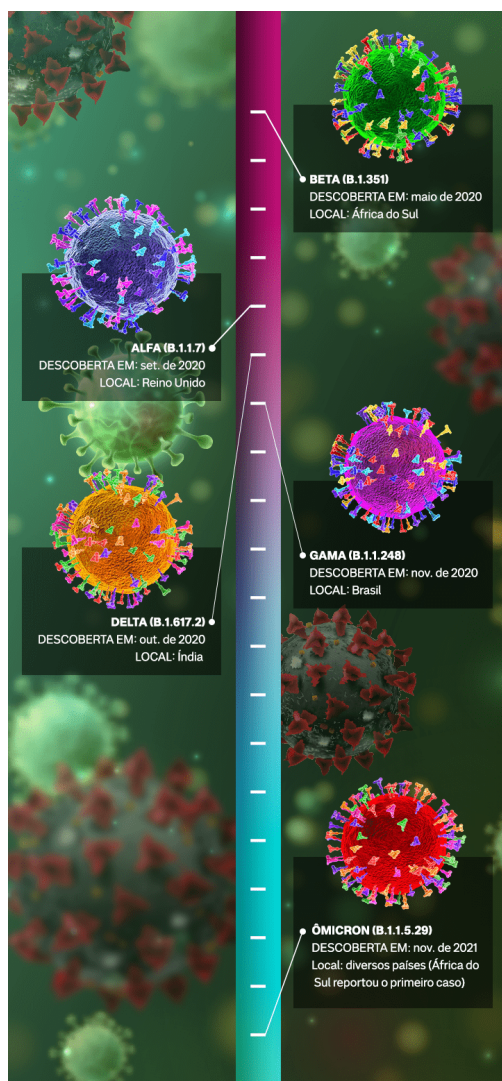
progressiva, que leva sempre a melhoria dos organismos vivos (Meghioratti; Caldeira; Bortolozzi, 2006; Angeloni-Duarte; Rosa; Santos-Alfaya, 2022), sabe-se que existem exemplos de regressão de complexidade na história da Biologia, como o caso dos olhos dos peixes que vivem em cavernas, eles são cegos, mas seus ancestrais possuíam olhos (Futuyma, 2009).

Diversos mecanismos agem para que a evolução ocorra, sendo um deles a seleção natural, que falaremos melhor no próximo capítulo. Esses mecanismos selecionam apenas indivíduos que são mais capacitados em se adaptar às mudanças que ocorrem no ambiente, ou seja, os que possuam características que os beneficiem em relação a outros indivíduos da população, e isso não ocorre ao acaso. Evolução não é uma mudança geracional, e sim entre gerações (Ridley, 2006). Quando pensamos no tempo, sempre nos referimos a um espaço de anos, algumas décadas ou até mesmo alguns séculos, mas a Evolução não ocorre naquilo que temos noção de tempo, para que aconteça a evolução de uma espécie são necessários milhares e milhares de anos, mas isso é uma regra? Também não.

É importante ter em mente que para a evolução ocorrer é necessário que haja mudanças, e essas mudanças precisam ser repassadas para as próximas gerações, da mesma forma como um filho herda características que são dos pais, sendo assim são necessárias muitas gerações para que aquela população de indivíduos possua certa característica. No entanto, alguns organismos, como as bactérias por exemplo, possuem um tempo de geração muito curto, se uma dessas bactérias adquirir resistência a um antibiótico, logo, as demais bactérias que irão se originar dessa mesma bactéria também terão essa resistência, esta é a principal consequência do uso inadequado de antibióticos. Bizzo (2021) destaca que isso também acontece com os vírus, afinal por que pegamos gripe mais de uma vez apesar de possuímos anticorpos? Porque os vírus estão em constante mudança, um claro exemplo disso é o SARS-CoV-2 e as variantes Ômicron, Mu, Delta e Lambda,

isso ocorreu devido às mutações no código genético desses vírus que se adaptam às condições do ambiente (Figura 14).

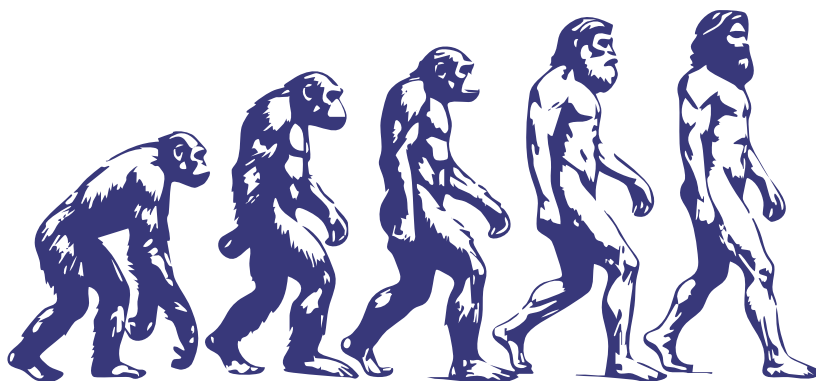
Figura 14: Variantes do vírus SARS-CoV-2. Vírus são exemplos de como ocorre a evolução por meio da seleção natural e especiação



Fonte: Alessandro Datcho (2022)

Há grandes equívocos no entendimento do que é evolução. Um deles é sobre a Evolução Humana: “o homem veio do macaco”. Este pensamento ainda permeia o ensino da evolução e os professores precisam esclarecer muito bem este mal-entendido. Quem nunca viu em livros didáticos ou na internet a figura da marcha para o progresso? (Figura 15). Sabemos que a evolução nem sempre ocorre de forma linear de uma espécie para a outra, na verdade, o esquema de ramificação representa muito melhor o processo evolutivo. A evolução ocorre em várias direções e em diversas populações, pois pode ser oriunda de diversos fatores, como a seleção, mutação, deriva genética ou outros (Futuyma, 2009). Dessa forma, a espécie humana se originou de um ancestral comum a todas as espécies de primatas e em determinada escala de tempo. Araújo (2017) destaca que hoje em dia, não há mais dúvidas sobre o parentesco evolutivo entre a nossa espécie e os outros seres vivos. De fato, todos os seres vivos surgiram de um mesmo ancestral que sofreu evolução ao longo de bilhões de anos.

Figura 15: Um dos principais equívocos evolutivos (Marcha para o Progresso) e a origem do homem

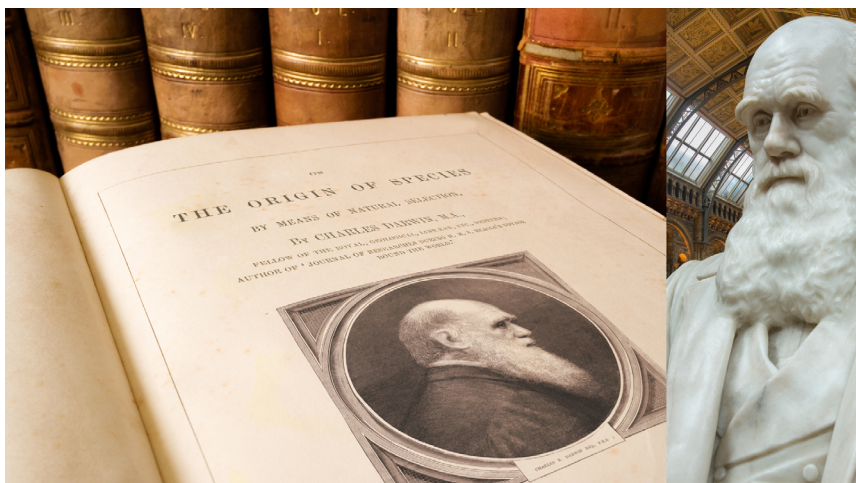


Fonte: As autoras com adaptação do Canva (2025)

A evolução não significa a origem do universo. Na verdade, o universo está em constante evolução, mas não há comprovação científica que um mecanismo biológico deu origem e atua sobre o universo, a origem do universo pode ser explicada através da física e astronomia. Para a Biologia, evolução significa mudanças que ocorreram em uma população ou em indivíduos da população e que foram repassadas para as demais gerações, que podem ocorrer em menor escala temporal (microevolução) ou em grande escala temporal (macroevolução). O primeiro a acreditar na mutabilidade (transformação) das espécies foi Jean-Baptiste de Lamarck, o cavaleiro de Lamarck (1744–1829). Ele propôs de maneira pioneira uma forma de mudança ao longo de enormes intervalos de tempo se opondo a então teoria da criação (Kutschera, 2013). Além disso, essas mudanças nem sempre proporcionam adaptação ao ambiente em que essa população está estabelecida. Outros mecanismos aleatórios precisam ser considerados quando se fala de evolução, tais como: deriva genética, fluxo gênico, mutação, dentre muitos outros. Pensar que a evolução biológica se restringe somente à seleção natural é mais um equívoco comum. Portanto, a Seleção Natural explica toda a adaptação, mas não toda a evolução.

A Teoria da Evolução formulada por Charles Darwin, o naturalista britânico, surgiu no século XIX através da publicação do livro *A Origem das Espécies* de 1859 (Figura 16). Darwin fez uma grande expedição de cinco anos no navio HMS Beagle e reuniu provas da sua teoria. Essa obra marcou fortemente a visão de como os cientistas deveriam olhar para o surgimento das espécies no planeta, uma vez que apresentou explicações científicas, ou seja, através de método científico sobre a origem das espécies. Darwin trouxe a ideia que abalou as estruturas epistemológicas da época, antes centrada na teoria do criacionismo, que defende a crença de que as formas de vida são imutáveis.

Figura 16: Livro *A Origem das Espécies* de Charles Darwin



Fonte: As autoras com a adaptação do Canva (2025)

No entanto, Darwin não estava sozinho, um grande cientista chamado Alfred Russel Wallace, também naturalista britânico, descobriu concomitantemente os mesmos mecanismos evolutivos citados por Darwin, tal qual a seleção natural. Wallace como um cientista mais novo e menos conhecido enviou a Darwin seus achados em 1858. Nesta ocasião Darwin encaminhou a grande descoberta para a Sociedade Lineana, em Londres, na Inglaterra, que não deu a devida importância. No entanto, Darwin ficou mais conhecido como o pai da evolução, provavelmente devido às obras que publicou sobre sua teoria evolutiva (Figura 17) e, por isso, teve mais evidência e notoriedade do que Wallace.

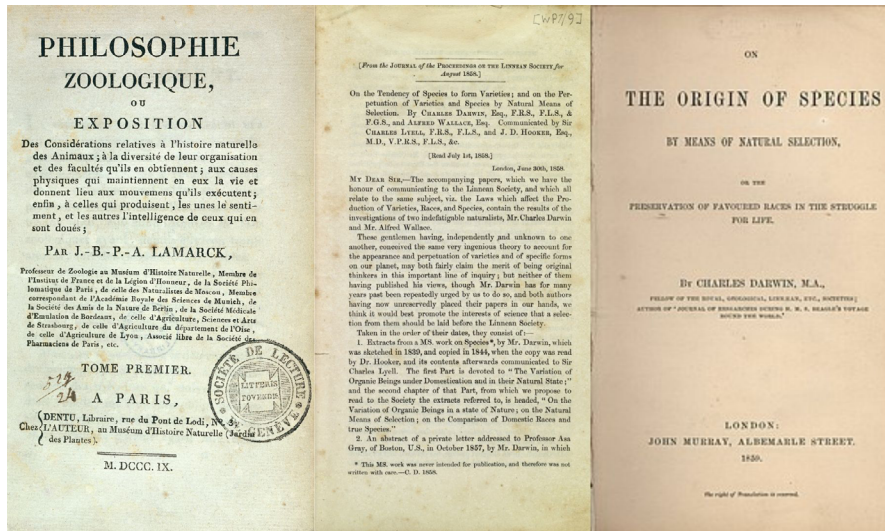
Figura 17: Estátuas e selo em homenagem a Charles Darwin, destacando sua viagem na expedição do HMS Beagle e a passagem pelas ilhas Galápagos



Fonte: As autoras com adaptação do Canva (2025)

Embora a história sempre associe a evolução à teoria darwinista, sabemos que Wallace também contribuiu para o entendimento do processo evolutivo e suas obras contribuíram além das questões evolutivas, sendo fundamental para os conhecimentos dos processos biogeográficos (Carmo; Bizzo; Martins, 2009). Wallace esteve na Amazônia e evidentemente fez grandes descobertas, embora a história conte que muitos dos seus achados acabaram naufragando em sua viagem de volta. Desse modo, Lamarck, Darwin e Wallace contribuíram cada um da sua maneira e dentro do rigor científico que possuíam, ousaram transformar o pensamento criacionista que predominava na época, de que as espécies eram imutáveis, e foram criadas a partir de uma ação sobrenatural (Figura 18).

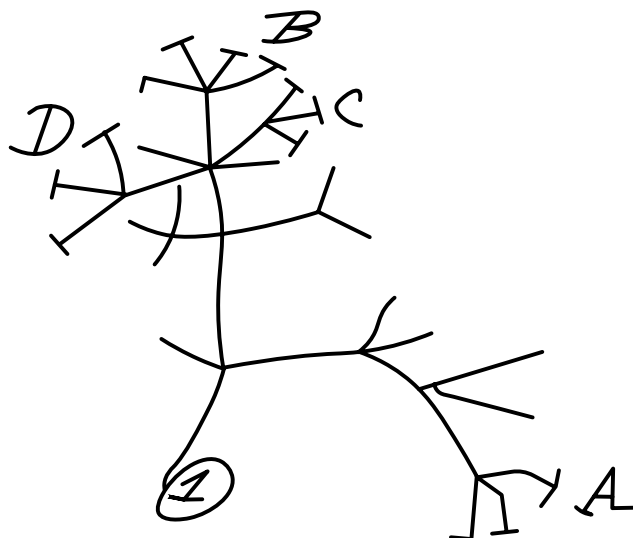
Figura 18: As grandes obras evolucionistas de Lamarck, de Darwin/Wallace e de Darwin



Fonte: As autoras com adaptação do Canva (2025)

O livro que impactou o mundo, *A Origem das Espécies*, trouxe ideias que foram amplamente aceitas e uma delas foi a descendência com modificação ou ancestralidade comum. Voltando ao aspecto muito importante na teoria darwinista, além da seleção natural, é a compreensão que o surgimento das espécies se deu através da ancestralidade comum (Figura 19). O esquema da árvore da vida que representa o surgimento de todos os organismos vivos a partir de um único ancestral ao longo do tempo evolutivo é algo que merece destaque, uma vez que foi incontestável desde quando a evolução começou a ganhar adeptos. O processo evolutivo ocorre quando os descendentes mudam suas características em relação aos seus ancestrais, mas podem guardar também características semelhantes a ele.

Figura 19: O modelo de árvore desenhada por Darwin para expressar a ideia de ancestralidade comum



Fonte: Darwin (1837-8)¹⁴

Na Figura 19, podemos ver que de acordo com a árvore da vida pensada por Darwin, a representação de espécies relacionadas que se originam a partir de um ponto de partida (1) para efetivamente originar espécies relacionadas representadas nos pontos extremos A, B, C e D. Claramente, se observa que este modelo já prevê extinção, uma vez que espécies podem ser formadas a partir de tipos ancestrais com várias formas extintas ao longo do tempo. Tanto a concepção da ancestralidade comum quanto o mecanismo de seleção natural como impulsionador das mudanças ao longo do tempo, foram teses mais prontamente aceitas pela comunidade acadêmica da época.

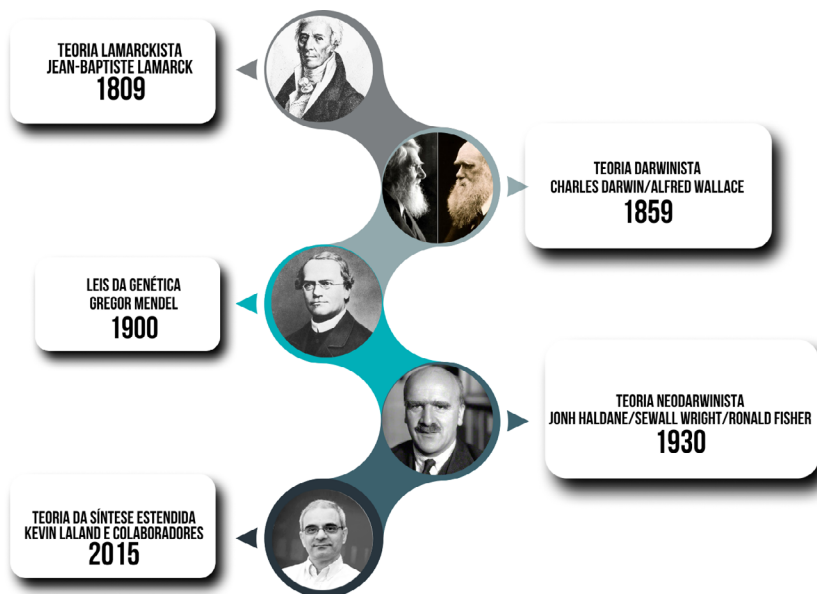
Com o avanço científico, especialmente no campo da Genética, novas teorias evolutivas surgiram. No século XX, em 1930, a Teoria Moderna ou Sintética da Evolução, também conhecida por neodarwinismo, se caracterizou por incorporar as leis da Genética

¹⁴ Disponível em: https://www.age-of-the-sage.org/evolution/human_evolutionary_tree.html. Acesso em: 5 fev. 2025.

às ideias de Darwin e Wallace sobre o processo evolutivo. Portanto, o mecanismo da seleção natural passou a não ser o único capaz de explicar a mudança nas espécies, mas também as mutações, à deriva genética e o fluxo gênico. Tais mecanismos foram estudados por grandes cientistas como o John Haldane, Ronald Fisher, Sewall Wright, George Simpson, Theodosius Dobzhansky, Ernst Mayr são alguns deles, sendo a Genética de Populações o carro-chefe do movimento neodarwinista (Ridley, 2006; Futuyma, 2009).

A partir dos anos 2000 novos estudos começaram a surgir, oriundos de alguns evolucionistas insatisfeitos com a Teoria Moderna da Evolução. Eles acreditam que a Síntese Moderna não consegue explicar todos os fenômenos evolutivos e começaram a reunir evidências para consolidar uma nova teoria evolutiva chamada de Teoria Estendida da Evolução ou Teoria Pós-Moderna. A Figura 20 ilustra a linha do tempo, incluindo as principais teorias evolucionistas. Os adeptos da Síntese Estendida (SEE) como também é conhecida, discordam que a seleção natural explique toda a evolução biológica (Silva; Santos, 2015; Guimarães, 2018). A nova teoria defende um pluralismo de processos, porém ainda não está totalmente consolidada. É importante mencionar que a SEE não exclui os mecanismos evolutivos defendidos pelo neodarwinismo, mas adiciona novos, tais como: Construção de Nicho, Plasticidade Fenotípica, Evolução do Desenvolvimento e Epigenética (Guimarães, 2018). Araújo (2020) pondera ao comparar a Síntese Moderna com a Síntese Estendida (SEE) que ainda há necessidade de alguns esclarecimentos filosóficos e epistemológicos por parte dos proponentes da teoria recém-formada e que esta não propõe somente a adição de novos fatores, o que abalaria os conceitos evolutivos de forma mais ampla.

Figura 20: Linha do tempo com o surgimento das principais teorias evolutivas



Fonte: As autoras com adaptação do Canva (2025)

O quadro abaixo apresenta de forma sintética as principais informações sobre todas as teorias evolucionistas formuladas ao longo da história da Biologia Evolutiva até o momento. Cabe destacar, que ainda temos muito a discutir sobre as causas e efeitos dos processos evolutivos das espécies. Araújo e Reis (2021) comentam que, atualmente, o pensamento evolutivo tem vivenciado um momento de reformulações desde a proliferação de abordagens, conceitos e processos, sendo caracterizado por um pluralismo evolutivo. Assim, é evidente que os cientistas e suas descobertas vêm colaborando na construção de arcabouços teóricos fundamentais para preencher as lacunas do conhecimento, o que, conseqüentemente, pode refletir na formação crítica dos professores e colaborar com o ensino da evolução nas universidades e nas escolas.

Quadro 1: Principais características das Teorias Evolutivas

Teorias	Fundadores	Ano	Principais teses
Lamarckismo	Jean-Baptiste Lamarck	1809	Lei do Uso de Desuso Herança dos Caracteres Adquiridos
Darwinismo	Charles Darwin Alfred Wallace	1859	Ancestralidade comum Seleção Natural Especiação
Neodarwinismo	John Haldane Ronald Fisher Sewall Wright George Simpson Theodosius Dobzhansky Ernst Mayr	1930	Seleção Natural Mutação Deriva genética Fluxo Gênico
Síntese Estendida	Kevin Laland Tobias Uller Marcus Feldman Kim Sterelny Ger Muller Armin Mocsek Eva Jablonka John Odling-Smee	2015	Seleção Natural Mutação Deriva genética Fluxo Gênico Construção de nicho Evo-Devo Plasticidade fenotípica Herança epigenética

Fonte: As autoras (2025)

O que é seleção natural?

Entendendo o processo

No capítulo **O que é seleção natural?**, o leitor será conduzido a uma compreensão aprofundada sobre os **fundamentos teóricos e práticos da seleção natural**, um processo essencial para a evolução das espécies. Serão apresentadas as características principais desse mecanismo, explicando como a seleção natural age para favorecer traços que conferem maior aptidão às populações, em especial em cenários de mudança ambiental. Além disso, o texto explora a interação entre mutações genéticas e seleção natural, enfatizando seu papel na variabilidade genética.

O capítulo utiliza exemplos didáticos, como os diferentes formatos de bicos de aves, para demonstrar como a seleção natural atua na sobrevivência e reprodução diferencial dos indivíduos. Outro ponto de destaque será a explicação dos tipos de seleção natural, como a estabilizadora, direcional e disruptiva, analisando o impacto de cada um deles na diversidade genética das populações. Por fim, serão discutidas as condições que permitem à seleção natural contribuir para a especiação, conectando conceitos de adaptação, pressão ambiental e isolamento reprodutivo.

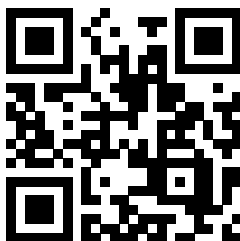
Os objetivos deste capítulo são:

- **Apresentar o conceito de seleção natural de forma clara e didática**, destacando seu papel no processo evolutivo;
- **Exemplificar como a seleção natural atua em diferentes contextos**, conectando teoria e prática;
- **Discutir os tipos de seleção natural** e seus efeitos sobre a variabilidade genética;

- **Refletir sobre como a seleção natural contribui para a formação de novas espécies** e a dinâmica da biodiversidade.

Para saber mais sobre esse assunto, acesse o QR Code abaixo:

**Esses passarinhos mostram como
novas espécies surgiram**



O meio ambiente está em constante mudança e as espécies precisam se adaptar a essas mudanças a fim de garantir a sobrevivência e a reprodução. Existem diversos mecanismos que agem promovendo mudanças, e um deles é a seleção natural. Neste capítulo, ela ganha um grande destaque. Bem, mas o que é a Seleção Natural? Embora seja um mecanismo basilar do processo evolutivo, a seleção natural é um conceito ainda mal interpretado (Freeman; Herron, 2009).

Este mecanismo proposto a partir dos trabalhos de Darwin/Wallace favorece o predomínio de características vantajosas nas populações ao longo das gerações, em detrimento de outras ditas desvantajosas, podendo tais características serem do tipo morfológicas, fisiológicas ou comportamentais. Uma população que sofre a ação da seleção natural é considerada adaptada àquele ambiente. De acordo com Ridley (2006), a definição mais aceita de adaptação seria a de um atributo ou característica que passa pelo processo de seleção natural, consequentemente promovendo o aumento da aptidão dos seus portadores.

Existe uma relação muito estreita entre as mutações e a seleção natural. Mas mutação é outro fator evolutivo?

Sim, claro! As mutações são a principal fonte da variabilidade genética, importante para que a seleção natural atue numa população. Mutações são alterações que ocorrem na sequência de nucleotídeos que compõem o DNA, através dessa sequência, também chamada de genótipo, há um controle da expressão de todas as nossas características visíveis, conhecido por fenótipo. Vimos em profundidade as questões genéticas na primeira seção do livro. Portanto, devido às mutações o genótipo e o fenótipo de um indivíduo podem ser alterados, podendo representar uma vantagem ou desvantagem no ambiente, e é aí que a seleção natural atua (Futuyma, 2009).

O meio ambiente possui recursos finitos, como alimento e espaço disponível, por isso não é possível que haja excesso de fecundidade de indivíduos, sendo assim, sempre haverá uma constante competição pela sobrevivência e reprodução. Assim, a seleção natural seleciona indivíduos que possuem características que favorecem esses indivíduos em questão de reprodução e sobrevivência em determinado meio. Darwin/Wallace tiveram essa ideia devido às observações nas características visíveis das espécies que estudavam. Ambos trabalharam ao mesmo tempo e em lugares distintos, chegando a conclusões similares, embora Wallace não seja lembrado como um dos autores principais dessa teoria, entendemos que isto consiste em um outro equívoco comum no ensino da evolução, como apontado por Carmo, Bizzo e Martins (2009).

Com os resultados dos estudos desses grandes evolucionistas, foi possível entender que essas características precisavam ser herdadas para que se estabeleçam, não apenas em um indivíduo, mas em toda a população. Vale destacar, que tanto Darwin quanto Wallace não sabiam como as variações eram herdadas pelos indivíduos, uma vez que os princípios da Genética não eram conhecidos na época. Voltando para a compreensão do processo da seleção natural, apenas os competidores mais adaptados, ou

seja, aqueles que conseguiam sobreviver e reproduziam de forma diferencial em um dado ambiente, se destacavam entre outros indivíduos da população, e eram esses que teriam a oportunidade de passar para as próximas gerações essas características favoráveis (Ridley, 2006; Freeman; Herron, 2009; Futuyma, 2009). Portanto, para ser adaptado não precisa de esforço individual e sim possuir a característica vantajosa no ambiente em que vive.

Um exemplo muito claro disso são os bicos de pássaros. Nas aves existem diversos tipos de bico e cada um possui uma função crucial na alimentação de acordo com a disponibilidade de alimento. O bico de papagaio e araras são curvos e curtos, propícios para abrir frutas; aves de rapina, como o gavião real, possuem um bico pontudo e em forma de gancho, ideal para rasgar e arrancar carne; algumas aves possuem o bico alongado em forma de tubo, como o beija-flor, para sugar néctar, já outras aves possuem o bico fino e longo para capturar insetos, como o bem-te-vi. Num ambiente onde apenas há disponibilidade de frutas, pássaros que possuem um bico adaptado para abrir frutas terão maior vantagem sobre aqueles que possuem um bico com formato diferente (Figura 21). Depois de um tempo, a quantidade de pássaros com bico adaptado para frutas será maior do que a quantidade de pássaros com bico de outro formato, uma vez que esses pássaros possuem uma característica que proporciona maior sucesso na sobrevivência e, conseqüentemente, na reprodução.

Figura 21: Diferentes tipos de bico de aves



Fonte: L. Shyamal (2007)

Daí surge uma dúvida: se aquele indivíduo não possui alguma característica que o dê vantagem em determinado ambiente, ele pode acabar desenvolvendo essa característica? A resposta é SIM! Isso é chamado de plasticidade fenotípica, algumas espécies de animais têm a capacidade de alterar alguma característica fisiológica e morfológica de acordo com o ambiente em que estão inseridos, nas plantas por exemplo, o tamanho, a cor e a quantidade de folhas podem ser influenciadas pela quantidade de calor, disponibilidade de água e nutrientes, algumas espécies de animais, sobretudo os que vivem em ambientes extremos, tem a capacidade de mudar a cor da pelagem a fim de facilitar a camuflagem e evitar a predação (Futuyma, 2009). Portanto, existem outros mecanismos que podem provocar mudanças e esses também precisam ser considerados em cada caso.

Existem ainda tipos de seleção natural que podem resultar em perda de variabilidade genética ou manutenção da mesma

(Futuyma, 2009). Quando a seleção acontece para que os extremos das características sejam selecionados dizemos que o tipo de seleção é direcional, ocorrendo assim perda de variabilidade genética na população, e quando os dois extremos da característica são selecionados positivamente dizemos que a seleção é do tipo diversificada ou disruptiva, neste caso mantém-se a variabilidade genética da população. No entanto, quando as características intermediárias são selecionadas a seleção será do tipo estabilizadora. Existem também outros tipos de seleção, como a familiar e a sexual, dependendo da característica vantajosa para o indivíduo, que vai lhe conferir mais sucesso na sobrevivência ou na reprodução.

A pressão causada pela seleção natural sobre uma população com variabilidade individual promove a evolução ao longo das gerações. Após a ação da seleção natural, a população se torna mais adaptada, com maior sucesso reprodutivo e maior taxa de sobrevivência. As características podem ser desde um maior número de ovos colocados por aves, a fim de assegurar que alguns indivíduos alcancem a idade adulta, seja a produção de substâncias tóxicas e estruturas pontiagudas a fim de evitar herbivoria, no caso de plantas, seja investindo em mecanismos que imitem indivíduos perigosos, como os animais miméticos. Por vezes, algumas características adquiridas se tornam marcantes e únicas em uma população situada em determinado ambiente, por causa dessas mutações permanentes no genótipo daquela população. Entretanto, não é possível dizer que essa população mudou a nível de espécie ou outro grupo taxonômico, e sim é necessário que haja grande diferença genética e isolamento reprodutivo, para resultar em uma nova espécie, esse processo é denominado de especiação.

Como surgem novas espécies?

Entendendo a especiação: tipos e modos

No capítulo **Como surgem novas espécies?**, o leitor será convidado a explorar os princípios fundamentais da **seleção natural**, reconhecida como um dos mecanismos mais importantes do processo evolutivo. Este capítulo aborda desde a definição do conceito até o papel essencial das **mutações** como fontes de variação genética, passando pelos principais **tipos de seleção natural** e sua relação com a **adaptação das populações aos ambientes**.

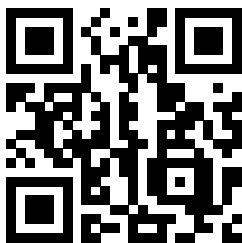
Além disso, o texto traz à tona equívocos comuns na interpretação da seleção natural, que muitas vezes dificultam sua compreensão e aplicação no ensino da evolução. São apresentados exemplos práticos que conectam o tema a situações do cotidiano e que tornam o aprendizado mais relevante e acessível.

Os objetivos deste capítulo incluem:

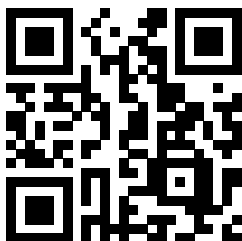
- **Explicar como a seleção natural funciona**, destacando seu papel na sobrevivência e reprodução das espécies em diferentes contextos ambientais;
- **Promover a discussão por meio de exemplos práticos**, que ilustram como a seleção natural molda a biodiversidade ao longo do tempo;
- **Incentivar a contextualização no ensino**, fornecendo caminhos para abordar o tema de forma clara, dinâmica e aplicada, facilitando o aprendizado para estudantes.

Para enriquecer a compreensão do tema, o capítulo disponibiliza vídeos que explicam de forma visual os conceitos tratados. Esses materiais estão disponíveis para acesso por meio dos QR Codes a seguir.

As aparências enganam



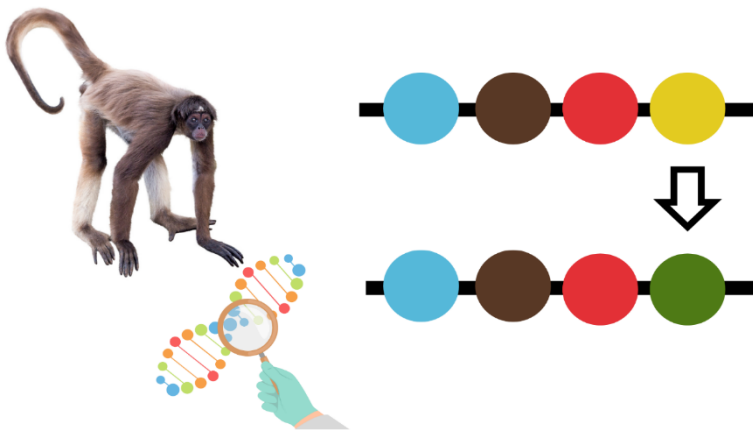
Como rios e várzeas influenciam a formação de espécies na Amazônia?



A especiação ou origem de novas espécies ocorre de diferentes formas no ambiente e pode ser provocada pelas mudanças impulsionadas pelas mutações, pela seleção natural ou por deriva genética (Freeman; Herron, 2009). Por conta da pressão do ambiente que induz novas adaptações, o código genético de uma determinada população pode sofrer alterações, por vezes essas diferenças são muito pequenas, mas marcantes, resultando em uma incerteza de que aquele genótipo pertence àquela espécie. É claro que para isso acontecer deve-se passar muitos anos. De modo bem simplificado, imagine que uma sequência de cores representa o código genético de um primata não humano representado por uma sequência azul-marrom-vermelho-amarelo, por causa de uma pequena mutação a sequência muda e passa a ser azul-marrom-vermelho-verde (Figura 22). A sequência é semelhante, mas não igual. Um único gene diferente, ilustrado pela cor no caso deste exemplo, pode afetar diretamente o fenótipo

produzido e, portanto, a característica visível de um animal ou outro organismo vivo.

Figura 22: Esquema ilustrativo de uma sequência genética mostrando uma mutação pontual



Fonte: As autoras (2025)

Ainda usando este exemplo, vamos imaginar que o gene amarelo é responsável pela coloração de pelagem negra e o gene verde é responsável pela coloração de pelagem castanha, antes o indivíduo que tinha a cor de pelagem negra passa a ter pelagem castanha, ainda que aos nossos olhos não possa ser uma grande mudança, no nível genético é. O gene responsável pela pigmentação em aves e mamíferos é o *MC1R*, este gene funciona como um tipo de receptor, o pigmento formado vai depender da interação de um hormônio ou de uma proteína, estes, por sua vez, também são codificados a partir de genes. Se houver genes que vão codificar somente os hormônios específicos para pigmentação, aquele primata terá determinada cor, se houver genes que codificam apenas proteínas de pigmentação, então aquele primata terá outra coloração, um único gene faz toda a diferença.

E de que forma esse processo ocorre? Especiação significa mudanças em uma população e que foram repassadas a demais gerações formando novas espécies, também significa o isolamento reprodutivo de uma população e a interrupção do fluxo gênico. Para que a informação genética seja repassada aos descendentes é necessário a reprodução de indivíduos da mesma espécie, ou seja, que possuem o mesmo código genético, no entanto, é preciso compreender de forma mais específica o que significa ter o mesmo código genético.

Todas as espécies do mundo, sejam bactérias, protozoários, fungos, plantas e animais, são compostas por DNA, este por sua vez é formado por moléculas menores chamadas de nucleotídeos. Existem quatro nucleotídeos: adenina, timina, citosina e guanina que se ligam em pares. Todos os indivíduos possuem esses mesmos nucleotídeos, o que diferencia uma espécie de outra é sequência de pares desses nucleotídeos. Uma batata por exemplo possui 705,9 milhões de pares e nós seres humanos possuímos 3,2 bilhões, apesar de possuímos a mesma quantidade de pares a sequência não é a mesma, isso explica o porquê de cada DNA ser único, como vimos na primeira parte deste livro. Os conjuntos de pares de nucleotídeos formam os genes, responsáveis pela produção de proteínas que vão exercer diversas funções no indivíduo, inclusive características físicas.

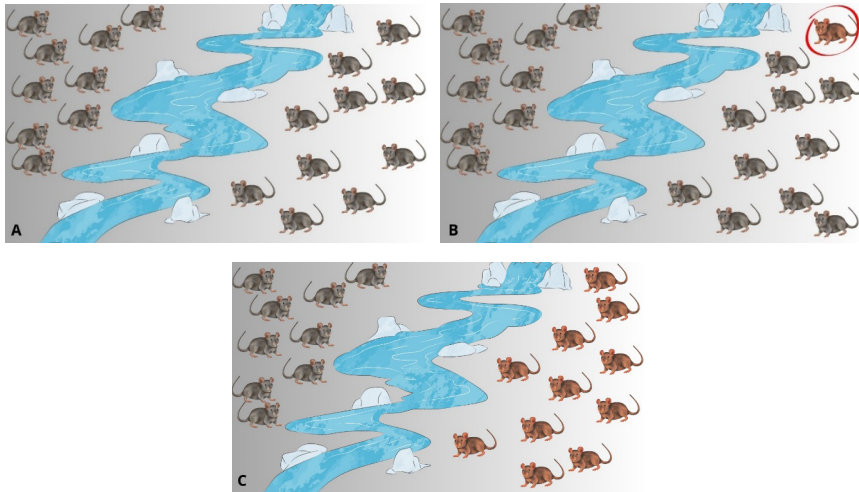
Um conceito importante dentro desse entendimento do processo de especiação é o de **espécie**. Como o objetivo deste livro não é discutir conceitos de espécie, vamos assumir o Conceito Biológico de Espécie (CBE), criado por Ernst Mayr, em 1942, em que espécie consiste em um conjunto de indivíduos capazes de se reproduzirem com descendentes férteis, e estão isolados reprodutivamente de outros grupos, ou seja, o critério, portanto, é o reprodutivo (Futuyma; Kirkpatrick, 2017; Klein, 2017). Quando indivíduos da mesma população se separam e se isolam reprodutivamente, ao longo do tempo podem acumular

diferenças em suas características a nível de genótipo e fenótipo. Essas variações foram observadas por Darwin e publicadas em sua obra *A Origem das Espécies*, mas não do ponto de vista genético. Com a interrupção do fluxo gênico entre as subpopulações, a troca genética é reduzida ou cessada, o que provoca o aumento do acúmulo das diferenças. Essas diferenças podem surgir por causa da seleção natural, deriva genética ou mesmo mutações.

A formação de novas espécies ocorre a partir de três principais circunstâncias distintas, também conhecidas como especiação alopátrica, especiação simpátrica e especiação parapátrica (Futuyma, 2009; Futuyma; Kirkpatrick, 2017). Cabe destacar que existem tipos que variam de acordo com as condições da distribuição geográfica das populações e modos (de acordo com os processos) para origem de novas espécies. A seguir, vamos conhecer os tipos de especiação.

O que caracteriza a especiação alopátrica? Imagine que uma população de roedores habita em determinada localidade próxima a um rio, por causa de uma grande enchente o rio acaba mudando de curso separando a população, parte da população fica em uma margem do rio, parte fica na outra. As duas populações ficam isoladas geograficamente. Com o passar do tempo, o surgimento de mutações somado às pressões ambientais pode levar as populações a se adaptarem cada uma às condições do ambiente em que se encontram e, por fim, tornarem-se espécies diferentes. Portanto, um conjunto de fatores evolutivos pode ocorrer, tendo como o passo inicial a barreira geográfica provocando modificações naquelas populações. Por vezes essa adaptação é tão intensa, gerando grandes diferenças entre as populações, e mesmo que elas tornem a se encontrar, não será possível a reprodução entre si. Esse evento, conhecido como especiação alopátrica, inicia com o isolamento geográfico, passa pelo acúmulo de diferenças biológicas entre as populações e conclui com o isolamento reprodutivo (Ridley, 2006; Futuyma, 2009). Assim, essas populações agora são consideradas espécies novas (Figura 23).

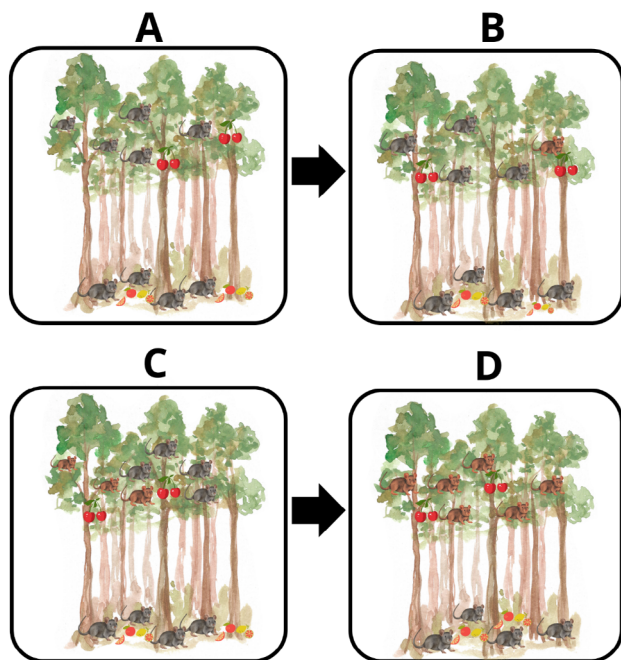
Figura 23: Esquema ilustrativo da especiação alopátrica. A: o surgimento de um rio (barreira física); B: Mutações surgem e provocam as variações; C: As populações acumularam diferenças ao longo do tempo e se diferenciaram



Fonte: As autoras (2025)

O processo de especiação acima é o tipo mais comum e exige uma separação física entre as populações. As barreiras físicas podem ser rios, cadeias de montanhas, desertos, ou qualquer obstáculo que impeça o fluxo gênico entre os indivíduos das populações isoladas. Entretanto, existe outro processo de especiação denominado especiação simpátrica. Nesse tipo de especiação ocorrem modificações entre populações, porém sem que haja uma barreira geográfica, é possível ocorrer o isolamento reprodutivo. A especiação simpátrica ocorre quando uma dessas populações acessa um novo nicho, ou seja, utiliza novos recursos ou realiza novos comportamentos, e por conta disso, essa população se adapta em seu novo nicho e se diverge da população ancestral. Devido a essas adaptações, provocadas por alterações genéticas, as populações se tornam incapazes de reproduzirem-se entre si, formando espécies diferentes ao final do processo (Figura 24).

Figura 24: Modelo de especiação simpátrica. A = populações de ratos em nichos diferentes; B = surgimento de mutação; C = a reprodução da característica mutante; D = espécies distintas no mesmo habitat

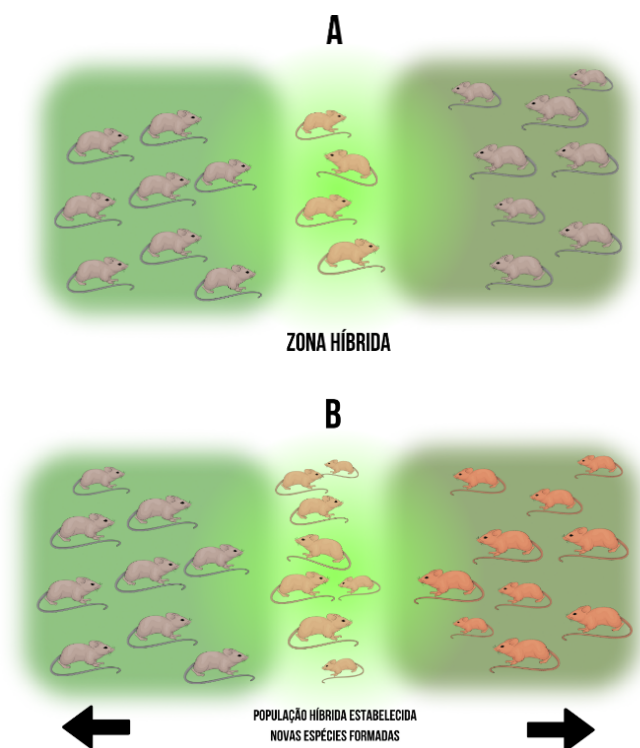


Fonte: As autoras (2025)

Por fim, temos a especiação parapátrica. Este tipo de especiação ocorre quando uma população de uma espécie habita em uma área com diferentes habitats adjacentes, sem que haja uma barreira entre eles, esses indivíduos estão espalhados por esses ambientes diversificados e, por conta da pressão seletiva de cada habitat, variam geograficamente em algumas características (gradiente chamado clina ou variação clinal), sendo assim, as populações se adaptam a cada ambiente em que estão inseridas. Além disso, é possível ocorrer o cruzamento entre essas diferentes populações, ou seja, gerando indivíduos híbridos com características intermediárias numa zona híbrida. Este tipo de especiação é caracterizado pela presença da zona

híbrida ou zona de hibridização (Figura 25). O estabelecimento dos híbridos colabora com o isolamento das populações iniciais, que agora estão mais distantes geograficamente, reduzindo, com isso, o fluxo gênico entre elas e aumentando a chance do surgimento de novas espécies.

Figura 25: Modelo de especiação por parapatria. A = presença de zona híbrida em populações vizinhas. B = população híbrida estabelecida ajuda no isolamento reprodutivo das populações iniciais, assim novas espécies são formadas

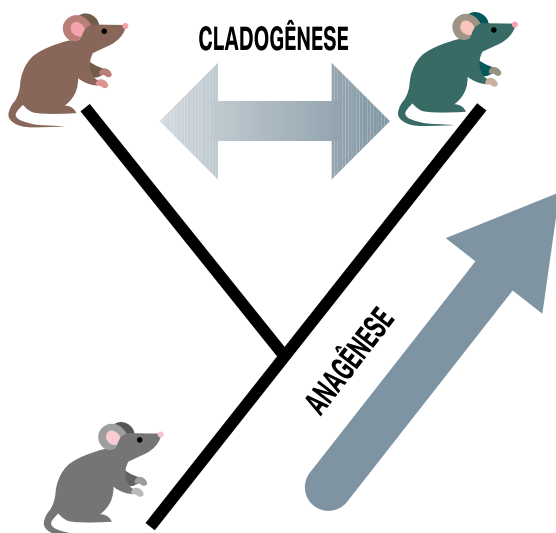


Fonte: As autoras (2025)

A especiação é muito comum na natureza e pode ocorrer através dos seguintes modos não relacionados à variação geográfica das populações: anagênese e cladogênese (Figura 26). A anagênese é um processo de mudança gradual de uma espécie em outra, enquanto a cladogênese envolve a multiplicação de

espécies, ou seja, a partir das divergências ocorre a separação em clados distintos, resultando em espécies novas (Klein, 2017). No entanto, a especiação não é um evento que ocorre num piscar de olhos, assim como é necessário em qualquer processo evolutivo, que mudanças sejam repassadas às gerações para que uma determinada característica se estabeleça em uma população. Na formação de novas espécies não é diferente, pois isso também é um processo evolutivo! É necessário que características sejam repassadas a outras gerações para evidenciarmos os efeitos das especiações. É também necessário que esses indivíduos que formam as populações possuam características em comum e que produzam descendentes saudáveis e capazes também de se reproduzir.

Figura 26: Esquema ilustrando os processos de anagênese e cladogênese



Fonte: Adaptado de Klein (2017)

Da mesma forma, o processo de especiação pode demorar apenas algumas gerações para acontecer ou pode levar milhões de anos como dito anteriormente. Assim, devido a nossa grande biodiversidade, imaginamos que inúmeras especiações podem ter

ocorrido há tempos atrás, como também pode estar acontecendo neste exato momento. Vamos imaginar, por exemplo, o surgimento de bactérias e vírus. Esses organismos têm ciclo de vida curto e bem diferenciado dos seres vivos mais complexos. No período de 2020 a 2022, o mundo passou pela pandemia do coronavírus (Covid-19), o vírus ganhou força especialmente em pessoas com comorbidades e milhões de pessoas não resistiram e morreram. Após a criação das vacinas e utilização pelas populações humanas de todo o mundo, a variante perdeu força. No entanto, novas variantes surgiram e provocaram uma nova fase de vacinação chamada reforço. As variantes do vírus SARS-CoV-2 são bons exemplos de processos mais rápidos de seleção natural e especiação, ou seja, a formação de novas espécies mais resistentes ao ambiente.

Exemplos clássicos dos livros didáticos

Desafios enfrentados no ensino da evolução

Em **Exemplos clássicos dos livros didáticos**, o leitor será convidado a explorar os desafios enfrentados no ensino da evolução biológica, com base em exemplos clássicos presentes em livros didáticos. Serão analisados casos como a mariposa de Manchester, os tentilhões de Galápagos e outros exemplos amplamente utilizados no ensino de Ciências e Biologia. Além de discutir as contribuições e limitações desses recursos, o capítulo também destacará a importância de contextualizar o ensino da evolução, aproximando-o da realidade dos estudantes e promovendo um aprendizado mais significativo e conectado à biodiversidade local.

Os objetivos deste capítulo são:

- **Identificar os principais exemplos relacionados à Evolução Biológica** presentes em livros didáticos e analisar suas contribuições pedagógicas;
- **Reconhecer as limitações históricas e conceituais** desses exemplos nos materiais didáticos;
- **Propor reflexões sobre estratégias para tornar o ensino da evolução mais contextualizado** e integrado ao cotidiano dos estudantes.

O ensino da Evolução Biológica nos livros didáticos ainda possui um espaço muito pequeno e pouco articulado com os demais campos da Biologia, não apresentando de forma clara essa relação (Zamberlan; Silva, 2012; Araújo, 2017). Embora o entendimento do processo evolutivo seja crucial para entender como os seres vivos se desenvolveram, sobreviveram e se multiplicaram ao longo das gerações, o professor de Ciências e Biologia enfrenta ainda grandes obstáculos na sala de aula, e muitas vezes, na prática, apenas

reproduz o conteúdo dos livros didáticos. Estudos têm levantado questões importantes que podem auxiliar professores de vários níveis a superar essas dificuldades e tornar esse ambiente um espaço que leve a um aprendizado efetivo do conhecimento evolutivo (Souza; Freitas, 2021).

Os livros didáticos são um dos fatores que podem facilitar ou dificultar a vida do professor em qualquer área do conhecimento. No caso da evolução biológica, dependendo da abordagem, podem levar o conhecimento sobre o processo evolutivo de uma forma coerente e contextualizada, ou fragmentada e cheia de equívocos. Análises feitas em coleções didáticas apontam que ainda existem graves problemas nos livros utilizados por professores e alunos nas escolas de ensino fundamental e médio de Manaus.

Os exemplos evolutivos mais conhecidos e utilizados nas aulas de Ciências e Biologia são quase sempre os mesmos e se originaram a partir de estudos de cientistas europeus, pioneiros nessa área do conhecimento. Esses estudos iniciaram há cerca de 200 anos atrás, quando os naturalistas começaram a se perguntar: de onde surgiu a diversidade de animais e plantas do planeta? Como ocorreu esse surgimento? Não por ser o primeiro, mas por ser o mais ousado, Jean-Baptiste de Lamarck se destacou por ser aquele que desenvolveu uma ideia de evolução que se opôs ao pensamento fixista predominante na sua época. A teoria Lamarckista tem como sua principal obra a Filosofia Zoológica de 1809, já ilustrada no início desta seção.

Para Lamarck, algumas leis imperam no ambiente, proporcionando a transmutação, sendo a lei do uso e desuso a herança dos caracteres adquiridos e a progressão linear com o aumento da complexidade suas principais explicações. Para explicar a lei do uso e desuso, usou numerosos exemplos, e no famoso caso das girafas, explicou: se um determinado indivíduo utiliza muito uma característica, é provável que essa característica se desenvolva e aprimore, como, por exemplo, os pescoços das girafas (Kutschera, 2013; Futuyma; Kirkpatrick, 2017). Nos livros

didáticos, esse exemplo é muito usado para explicar o lamarckismo. Portanto, inicialmente, havia girafas com pescoços menores e, num determinado momento, a disponibilidade de alimento no ambiente diminuiu, restando apenas alimentos nas árvores mais altas. Para alcançar as folhas, as girafas precisavam se esforçar, esticar mais o pescoço. Em consequência desse esforço, o pescoço cresceu, e essa característica proporcionada em decorrência da pressão do ambiente foi repassada aos descendentes, sendo conhecida como herança dos caracteres adquiridos.

Hoje em dia sabemos que Lamarck não estava totalmente certo. Imagine, por exemplo, um homem de 1,70 metros que precise alcançar um livro em uma estante que mede 2 metros de altura, não importa o quanto ele se esforce ou o quanto ele se estique, a altura daquele homem não vai mudar, ainda que ele obtenha alguns milímetros de diferença, ele não passará essa característica (altura maior) para os seus filhos. Podemos citar um outro exemplo: imagine que uma mulher fez rinoplastia no nariz com a justificativa de querer que os filhos tenham um nariz bonito, no entanto, quando os filhos nascerem, eles não necessariamente nascerão com o nariz afilado. Nem sempre as características adquiridas ao longo da vida serão passadas para os descendentes. Isso foi seriamente derrubado, especialmente com o surgimento da Teoria Sintética da Evolução, a qual incorporou os princípios mendelianos à teoria darwinista.

Então, quer dizer que tudo o que Lamarck publicou em suas obras sobre evolução estava errado? Não, certamente não. Além de Lamarck ter proposto uma teoria evolutiva bem audaciosa para o seu tempo, atualmente a Epigenética, tem levantado questões importantes sobre como o modo de vida das pessoas pode deixar marcas positivas ou negativas para as gerações futuras, o que, de certa forma, dá sentido às ideias lamarckistas (Vieira, 2017). Entretanto, voltando aos exemplos de Lamarck, eles demonstram que as leis elaboradas apresentavam algumas incoerências, pois não consideravam a hereditariedade, que hoje em dia conhecemos

muito bem. Já com o Darwinismo, passamos a entender que as mudanças nos seres vivos ocorrem ao longo do tempo através de dois processos muito importantes: ancestralidade comum e seleção natural.

Na obra de Darwin, *A Origem das Espécies*, o cientista foi capaz de mudar o pensamento da comunidade científica a partir das perspectivas evolutivas. Por causa das grandes expedições que Darwin realizou, ele teve a chance de estar em terras brasileiras duas vezes, em 1832 e 1836, admirado pelo encanto e diversidade de uma floresta situada nos trópicos, escrevendo em seu diário a elegância e exuberância da diversidade brasileira. Alfred Wallace não foi diferente, motivado em ver com os próprios olhos o desconhecido, Wallace, juntamente com Henry Bates e outros naturalistas, desbravaram os rios amazônicos, partindo de Belém, passando por diversas cidades como Santarém e Forte da Barra (Manaus atualmente), cruzando rios, como o grande Amazonas e o belo Rio Negro, a partir de suas expedições Wallace descobriu novas espécies, sejam de palmeiras, insetos e de aves. Graças às expedições e teorias desenvolvidas por esses cientistas, conhecemos a Biologia Evolutiva como ela é hoje (Futuyma; Kirkpatrick, 2017).

Darwin e Wallace foram os responsáveis por descrever numerosas espécies diferentes, e graças as suas observações dessas espécies na natureza é que eles foram capazes de elaborar conceitos como seleção natural e especiação. Para explicar como, onde e por que alguns processos ocorrem, é natural que se usem exemplos para ilustração. No ensino da evolução biológica, alguns exemplos também são utilizados para descrever esses processos. Talvez o exemplo mais conhecido seja o da mariposa de Manchester (Reino Unido), cujo nome científico é *Biston betularia*, a mariposa de cor clara, também conhecida como típica, frequentemente se camuflava nas cascas de árvores que ainda não estavam enegrecidas com a fuligem das indústrias (Figura 27).

Figura 27: Mariposas da espécie *Biston betularia* com as variações típica (salpicada) e carbonaria (melânica)



Fonte: Segal (2017)

Com o avanço da Revolução Industrial, os gases expelidos pelas fábricas deixaram o ar mais poluído, enegrecendo os troncos das árvores. Dessa forma, a mariposa salpicada ficou mais exposta à ação dos predadores por ser facilmente avistada. Esse fenômeno foi denominado pelos cientistas como Melanismo Industrial. Em decorrência desse processo, o número de mariposas claras declinou imensamente, por outro lado, outra mariposa da mesma espécie só que de cores escuras (a forma melânica), passou a ser dominante na região, ficando conhecida como mariposa carbonaria. Este tipo tinha sua população reduzida, pois era muito visível para os predadores, devido sua cor contrastante. Por causa da mudança da cor dos troncos, ela passou a se camuflar melhor em relação à mariposa mais clara, sobrevivendo e gerando mais descendentes, ao passo que a mariposa típica teve um declínio populacional.

O mais curioso é que depois de se passarem vários anos após a Revolução Industrial, a mariposa salpicada voltou a ser a mariposa com maior sucesso de sobrevivência e reprodução, isso porque o ar ficou menos poluído e as árvores voltaram ao aspecto original, possibilitando a camuflagem contra predadores, enquanto a mariposa carbonaria voltou a se tornar atrativa aos predadores.

Portanto, quando os indivíduos sobrevivem mais, eles conseguem reproduzir melhor, conseguindo passar suas características para as futuras gerações. Essa espécie foi monitorada por longos anos em vários estudos. O caso da *B. betularia* é um exemplo de como certas características podem favorecer ou desfavorecer a sobrevivência na natureza. Essa espécie é um exemplo de como a seleção natural ocorre na prática, uma vez que as pressões ambientais, seja por fatores bióticos ou fatores abióticos, podem favorecer a predominância de uma determinada característica vantajosa para a população e ainda continuar sendo alvo de mudança, pois o ambiente muda o tempo todo.

Outro clássico exemplo de seleção natural e de especiação em coleções didáticas brasileiras é o dos tentilhões das ilhas Galápagos. Atualmente são 13 espécies de tentilhões que ocorrem nas ilhas, porém Darwin foi o primeiro a observar a diferença existente entre as populações de tentilhões que encontrou por lá. Ele explicou que, provavelmente, um ancestral comum a elas migrou para uma das ilhas, e após sucessivas migrações para ilhas vizinhas, que possuíam recursos alimentares diferentes (tais como, frutos macios, frutos com sementes maiores e mais duras, insetos, larvas, néctar, etc.) as espécies foram sendo originadas. Com a falta de contato reprodutivo entre os indivíduos, somado ao processo de adaptação às condições ambientais distintas em cada ilha, com o passar dos anos novas espécies foram surgindo em Galápagos. Vamos entender melhor: Tentilhões com bicos adaptados para comer sementes grandes e duras seriam predominantes em ilhas com a disponibilidade deste alimento, enquanto tentilhões com bicos menores e mais finos, seriam aqueles mais comuns em ilhas com a abundância de insetos e larvas, isso fez toda a diferença para garantir a sobrevivência e reprodução diferenciais das populações (Figura 28).

Figura 28: Exemplo simplificado dos tentilhões de Galápagos e as observações de Darwin



Fonte: As autoras (2025)

Sabe-se hoje que os casos observados por Darwin em Galápagos são fortes exemplos de seleção natural e especiação e serviram de base para a sua teoria evolutiva. Além dos tentilhões, Darwin registrou as características das iguanas marinhas e terrestres, bem como dos cágados nas ilhas. As observações sistemáticas de Darwin, juntamente com a colaboração de seus amigos especialistas, e o que encontrou nos locais por onde passou ao longo da viagem do HMS Beagle o ajudaram a formular a sua teoria evolutiva.

Exemplos clássicos de seleção natural que estão em todos os livros didáticos e em todos os níveis de ensino são, principalmente, aqueles discutidos aqui, tais como o caso da mariposa de Manchester, dos tentilhões de Galápagos, e alguns outros, especialmente de espécies que não fazem parte da fauna amazônica. Silva (2019) realizou um levantamento de diversos exemplos de adaptações de espécies brasileiras, porém esse tipo de recurso didático é raro. De todas as coleções didáticas analisadas em nossa pesquisa: Multiversos, Moderna Plus e Acerta Mais Enem, há a inclusão do exemplo do Melanismo Industrial nos seus conteúdos (Figura 29). Essas coleções são comumente utilizadas nas salas de aula nas disciplinas de Ciências e Biologia,

por professores e alunos, na cidade de Manaus (Ferreira, Souza e Freitas, 2025, p. 9). Os exemplos que veremos neste capítulo são os mais conhecidos e difundidos quando se trata do ensino de evolução, como no caso da mariposa de Manchester, do Reino Unido.

Figura 29: Coleções didáticas analisadas neste estudo



Fonte: As autoras (2025)

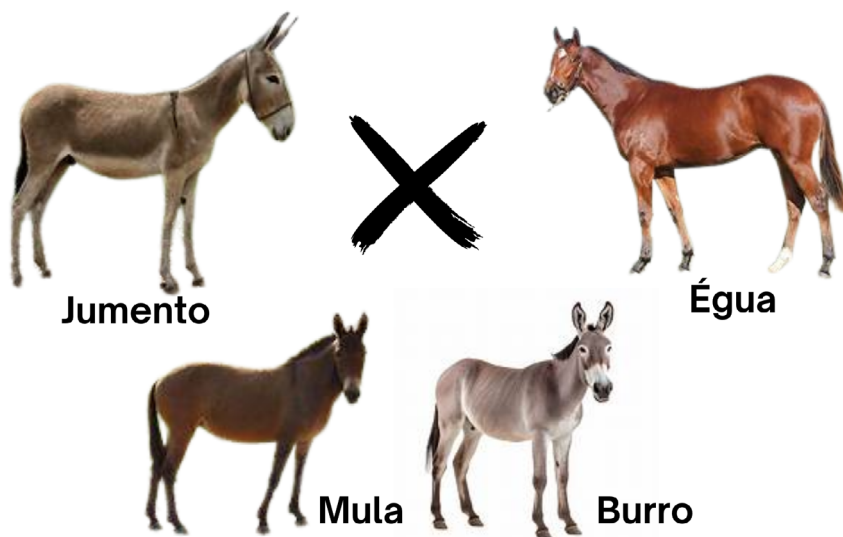
Dentre todos os processos que ajudam no entendimento da formação de novas espécies está o isolamento reprodutivo, uma vez que um dos critérios para a verificação se indivíduos distintos pertencem à mesma espécie ou não é se há reprodução entre eles. Os mecanismos de isolamento reprodutivo são fatores importantes para se entender tanto a especiação quanto a hibridização. A especiação e hibridização explicam o conceito de diversidade dos organismos vivos (Klein, 2017). Mas, afinal, o que é isolamento reprodutivo? Esse processo é caracterizado pelo impedimento da troca gênica entre populações através da reprodução, seja por diferenças morfológicas, comportamentais ou genéticas. O isolamento reprodutivo é essencial para origem de novas espécies, e este isolamento pode ocorrer através de alguns mecanismos, que impedem que a cópula ocorra entre espécies

diferentes ou são obstáculo para o seu completo sucesso (Ridley, 2006; Futuyma, 2009).

O isolamento reprodutivo é causado por uma série de fatores que se dividem em: mecanismos de isolamento reprodutivo pré-copulatórios e pós-copulatórios (Futuyma, 2009). As barreiras pré-copulatórias impedem que o cruzamento de fato ocorra, ou seja, a cópula. São exemplos: a presença de barreiras ecológicas e sazonais (como a busca de alimentação e ocupação de habitats e nichos diferentes), diferenças etológicas ou de comportamento (diferenças nas danças, coortes e épocas de acasalamento), incompatibilidade física ou mecânica (por exemplo: diferenças nas genitálias). Todos esses tipos impedem os encontros, ou quando estes acontecem, impedem a cópula.

No caso das barreiras pós-copulatórias elas até permitem a fecundação de um zigoto, no entanto, os híbridos podem morrer ou serem estéreis, temos como exemplo: mortalidade gamética, mortalidade zigótica, inviabilidade do híbrido e esterilidade do híbrido (Futuyma, 2009). Um exemplo clássico desse tipo de mecanismo é o caso do burro e da mula (se for fêmea). Esse híbrido surgiu do cruzamento entre um jumento (*Equus asinus*) e uma égua (*Equus caballus*), por conta desse cruzamento, o híbrido é estéril (Figura 30), se encaixando no tipo de isolamento reprodutivo pós-copulatório. Os estudos afirmam que quando os híbridos ocorrem é devido à fragilidade nos mecanismos de isolamento reprodutivo, e isso pode acontecer tanto em plantas, como em animais. Essas falhas impedem que o processo de especiação ocorra ou reduz a chance de sucesso.

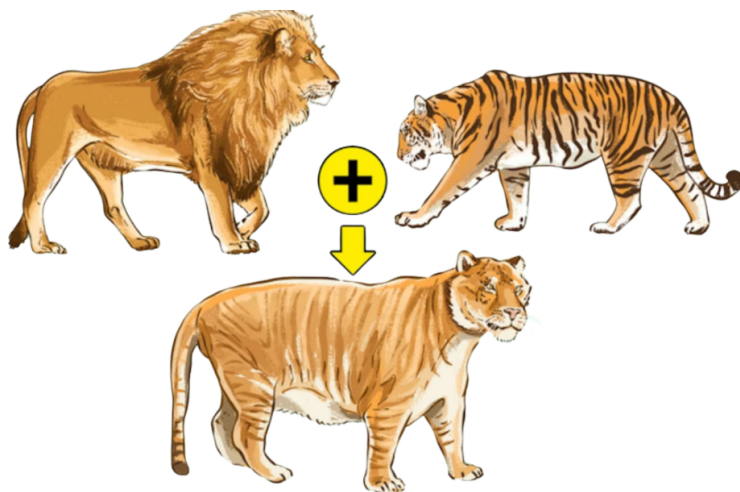
Figura 30: Exemplo clássico de mecanismo de isolamento reprodutivo pós-copulatório



Fonte: As autoras (2025)

Na natureza, a formação de híbridos é mais comum do que se pensava, embora existam os mecanismos de isolamento reprodutivos bem eficientes descritos anteriormente. Entretanto, há muitos casos de hibridização, mais em plantas do que em animais, é claro. Um caso bem interessante e famoso é do ligre (Figura 31), um híbrido gerado no cruzamento da leoa (espécie *Panthera leo*) com o tigre (*Panthera tigris*) em um zoológico, uma vez que este encontro em seu habitat natural atualmente não seria possível, pois leões vivem na África e os tigres na Ásia. O ligre é considerado o maior felino do mundo, chegando a um peso de 418 kg, com o comprimento de 3,33 m, incluindo a cauda, e a altura de 1,25 m de altura, sendo somente o macho estéril. Estudos indicam que as condições de saúde do ligre são bem frágeis.

Figura 31: Ligre, um híbrido do cruzamento do tigre com a leoa



Fonte: El Tigre¹⁵

Os estudos evolutivos explicam que a enorme e incontável biodiversidade que temos hoje no planeta é fruto de mudanças evolutivas ao longo do tempo, que levou ao surgimento de novas espécies, partindo do ancestral comum aos descendentes com modificação. As espécies sofreram a ação de mecanismos evolutivos bem conhecidos, tais como a seleção natural, mutações, deriva genética, entre outros, que explicam o processo de diferenciação sofrido por ancestrais que resultou na diversificação da vida no planeta. Entretanto, além dos processos que geram novas espécies, existem aqueles que extinguem as espécies. Portanto, a atual biodiversidade mundial é resultante de milhões de anos de evolução, com eventos de especiação e de extinção (Futuyma, 2009; Futuyma e Kirkpatrick, 2017). Fatores que levam a esses caminhos ainda serão alvo de estudos futuros, com toda certeza, uma vez que são relevantes para entendermos a história da vida na Terra.

15 Disponível em: <https://www.eltigre.org/ligre/>. Acesso em: 5 fev. 2025.

Mas, qual o problema de se falar de Seleção Natural e de Especiação, usando exemplos como as girafas, as mariposas de Manchester, os tentilhões de Galápagos ou o ligre? Não há problema algum. No entanto, é importante também que os estudantes saibam que o processo evolutivo não está distante da realidade deles, muito pelo contrário, ele pode ser observado nos parques da sua cidade, ou até mesmo, nos quintais das suas casas. Assim, tanto a teoria quanto a prática, precisam caminhar juntas, e cabe ao professor fazer essa articulação. Conhecer a história da ciência é fundamental para evitar equívocos, sobretudo em um conteúdo tão importante quanto a evolução biológica (Araújo, 2017). Vários autores têm confirmado que o ensino que contextualiza, que busca estratégias facilitadoras e inovadoras, tem mais potencial para levar a um aprendizado significativo e a um olhar mais crítico para os avanços científicos, especialmente no que diz respeito à evolução (Colli; Andrade; Bastos, 2021; Souza; Freitas, 2021; Macena, 2023).

Exemplos amazônicos evolutivos

Ensino de evolução contextualizado

No capítulo **Exemplos amazônicos evolutivos**, o leitor será convidado a explorar a impressionante riqueza da biodiversidade da Amazônia, conhecendo exemplos únicos de **seleção natural** e **especiação** observados na região. Diferentemente dos exemplos tradicionais amplamente utilizados em livros didáticos, esta abordagem valoriza a ampla **fauna e flora locais**, permitindo que o ensino de Biologia Evolutiva seja mais **contextualizado e significativo**, ao conectar teoria com a realidade cultural e ambiental dos estudantes.

Ao longo do capítulo, serão apresentados estudos sobre espécies emblemáticas da Amazônia, como **borboletas, peixes pulmonados, aves e primatas**, evidenciando suas adaptações e os processos evolutivos pelos quais passaram. Além disso, será destacada a forma como esses casos podem ser integrados ao ensino de Biologia, enfatizando a importância de incorporar os **conhecimentos locais** na educação. Essa perspectiva visa não apenas aprofundar conceitos evolutivos, mas também contribuir para uma visão **decolonial do ensino**, promovendo o protagonismo de professores e alunos por meio de uma ciência mais próxima da sua realidade.

Os objetivos principais deste capítulo são:

- **Demonstrar como exemplos evolutivos envolvendo espécies amazônicas podem enriquecer o aprendizado da Biologia Evolutiva**, tornando-o mais próximo do contexto regional dos estudantes;
- **Explorar os processos de seleção natural e especiação** evidenciados nessas espécies, destacando sua relevância científica e educacional;

- **Valorizar a produção científica regional**, mostrando como conhecimentos locais podem ser aplicados de maneira prática no ensino;
- **Incentivar o uso de exemplos acessíveis e contextualizados**, promovendo um aprendizado mais dinâmico, significativo e conectado à realidade.

Professores de Ciências e Biologia continuam utilizando os exemplos clássicos de Evolução para ensinar conceitos importantes como a seleção natural e a especiação. Por que não utilizar exemplos brasileiros ou amazônicos para descrever como esses processos ocorrem? Talvez os professores não usem porque estes não estão presentes nas coleções didáticas que chegam às escolas de todo o país. Mas eles existem! Inclusive fenômenos evolutivos podem estar acontecendo neste exato momento na nossa região, muito perto de nós, com alguma espécie que conhecemos ou que ainda não conhecemos. É necessário ter a curiosidade dos grandes cientistas para descobrir e evidenciar esses processos.

Através de pesquisas científicas que conseguiremos conhecer quais as espécies estão passando pelos processos de seleção natural e especiação e se elas pertencem a região em que vivemos. Mas, todas as espécies evoluem, certo? Sim, é claro! Entretanto, nem todos os cientistas estão dedicados a investigar mais a fundo sobre todas as espécies existentes e entender como elas evoluíram. Além disso, nem todos os estudos já realizados foram amplamente divulgados, o que os tornam conhecidos basicamente no meio científico. Compilar essas informações de maneira que seja mais acessível ao professor e ao aluno é uma forma de contribuir com o ensino dos conteúdos da Biologia Evolutiva.

Afinal, estamos passando por uma virada decolonial no ensino de Ciências no Brasil, e este marco é extremamente necessário em todas as áreas do conhecimento (Santos; Lima Jr., 2023). Seguindo esse direcionamento, quando valorizamos a pesquisa científica local, popularizando suas informações e, ainda, quando

relacionamos os exemplos evolutivos já comprovados em nossa região e introduzimos esses achados no cotidiano escolar, estamos buscando uma aprendizagem mais significativa, de fácil compreensão para professores e alunos. Por esse motivo, neste capítulo veremos exemplos de espécies encontradas na Amazônia, tanto brasileira como sul-americana, que são alvo de estudos sobre seleção natural e especiação. Dessa forma, espera-se que tais processos evolutivos se tornem mais interessantes e acessíveis para os professores de Ciências e Biologia.

No Quadro 2 encontra-se a relação de trabalhos publicados por pesquisadores com relação a espécies amazônicas que são exemplos de seleção natural e de especiação, encontrados em bases científicas consultadas no período de 2000 a 2025. Foram encontrados no total de 24 artigos, sendo 20 de especiação e 4 de seleção natural. Em relação à distribuição dos estudos de acordo com os grupos taxonômicos de animais, temos três de artrópodes, um de peixes, dois de anfíbios, nove de aves e nove de mamíferos, dentre estes oito de primatas. Os casos encontrados envolvem especiação alopátrica, simpátrica e parapátrica, bem como evidências de hibridização e de seleção natural, embora alguns estudos não deixem claro especificamente o tipo de especiação encontrada em seu estudo.

Quadro 2: Estudos sobre os processos de especiação ou seleção natural ocorridos na região amazônica

Grupo taxonômico	Nome científico	Estudos	Tipo de Processo
Insetos	Borboletas morpho <i>Morpho achilles</i> <i>Morpho helenor</i> <i>Morpho deidamia</i>	Héloïse Bastide e colaboradores (2022)	Especiação simpátrica
Insetos	Triatomíneo hematófago <i>Psammolestes tertius</i> <i>Psammolestes coreodes</i> <i>Psammolestes arthuri</i>	Carolina Hernández e colaboradores (2022)	Especiação simpátrica
Insetos	Borboleta-coruja e Borboleta-transparente <i>Caligo teucer</i> <i>Cithaerias andromeda</i>	Ricardo Luís Spaniol e colaboradores (2020)	Seleção natural
Peixes	Pirambóia <i>Lepidosiren paradoxa</i>	Jefferson Carneiro e colaboradores (2021)	Especiação Alopátrica
Anfíbios	Pererecas <i>Dendropsophus leucophyllatus</i> <i>Dendropsophus mapinguari</i> <i>Dendropsophus sarayacuensis</i> <i>Dendropsophus bifurcus</i>	Renata M. Pirani e colaboradores (2020)	Especiação parapátrica
Anfíbios	Rãs venenosas <i>Ameerega petersi</i> <i>Ameerega cainarachi</i>	Connor French e colaboradores (2019)	Especiação alopátrica
Aves	Arapaçu-de-spix e Arapaçu-elegante <i>Xiphorhynchus spixii</i> <i>Xiphorhynchus elegans</i>	Alexandre Aleixo (2004)	Especiação alopátrica e parapátrica

Aves	Cantador <i>Hypocnemis peruviana</i> <i>Hypocnemis subflava</i> <i>Hypocnemis ochrogyna</i> <i>Hypocnemis striata</i>	Morton L. Isler e colaboradores (2007) Áurea A. Cronemberger e colaboradores (2020)	Especiação simpátrica
Aves	Jacamim <i>Psophia viridis</i> <i>Psophia crepitans</i> <i>Psophia pseudobscura</i>	Camila C. Ribas e colaboradores (2011)	Especiação alopátrica
Aves	Uirapuru <i>Cyphorhinus arada</i> spp.	Fernanda Bocalini e Luís Fábio Silveira (2015)	Especiação alopátrica
Aves	Dançador-de-coroa-dourada <i>Lepidothrix vilasboasi</i>	Alfredo Barrera-Guzmán e colaboradores (2018)	Especiação alopátrica
Aves	Choca-do-bambu e papa-formiga-barrado <i>Cymbilaimus lineatus</i> <i>Cymbilaimus sanctaemariae</i>	Leonardo Miranda e colaboradores (2021)	Especiação alopátrica
Aves	Mãe-de-taoca <i>Phlegopsis erythroptera</i> <i>Phlegopsis nigromaculata</i>	Lincoln Carneiro e colaboradores (2022)	Especiação parapátrica
Aves	Bacurauzinho <i>Chordeiles pusillus</i>	Alexandre M. Fernandes e colaboradores (2024)	Especiação alopátrica ou simpátrica
Mamíferos	Morcego-anão-da-fruta <i>Rhynophylla pumilio</i>	Sofia Marques Silva e colaboradores (2023)	Especiação alopátrica

Mamíferos	Macaco-de-cheiro <i>Saimiri</i> spp.	Jessica W. Lynch Alfaro e colaboradores (2015)	Especiação alopátrica
Mamíferos	Macaco-prego <i>Cebus</i> sp. <i>Sapajus</i> sp.	Antonio Marcio Gomes Martins -Junior e colaboradores (2018)	Especiação simpátrica
Mamíferos	Macaco zogue-zogue <i>Plecturocebus hoffmansii</i> <i>Plecturocebus baptista</i>	Alessandro Rocha e colaboradores (2019)	Especiação simpátrica
Mamíferos	Macaco cuxiú <i>Chiropotes albinasus</i> <i>Chiropotes satanas</i> <i>Chiropotes utahicki</i> <i>Chiropotes sagulatus</i> <i>Chiropotes chiropotes</i>	Jefferson Carneiro e colaboradores (2023)	Especiação alopátrica
Mamíferos	Sagui-de-bigode <i>Saguinus mystax</i> <i>Saguinus pileatus</i> <i>Saguinus kulina</i>	Gerson Lopes e colaboradores (2023)	Especiação alopátrica
Mamíferos	Humanos Cor da pele	Lima (2020)	Seleção Natural
	Humanos Intolerância à lactose	Sukow & Beltrame (2023)	Seleção Natural
	Populações indígenas amazônicas Resistência à Doença de Chagas	Tábita Hünemeier e colaboradores (2023)	Seleção Natural

Casos em invertebrados

Borboletas azuis (Bastide *et al.*, 2022)

As borboletas do gênero *Morpho* são espécies neotrópicas caracterizadas pelas asas azuis cintilantes (Figura 32). A lepidóptera da espécie *Morpho helenor* é conhecida como morfo-azul-comum, possui asas de coloração azul na face dorsal e coloração marrom com ocelos na face ventral, sua alimentação consiste em frutos caídos em decomposição, são geralmente avistadas em trilhas sombreadas pelas manhãs. A espécie *Morpho achilles*, também conhecida como capitão-do-mato, é caracterizada pelas asas azuis metálicas na face dorsal, faixa preta nas bordas e coloração marrom com ocelos na face ventral, alimenta-se de frutas maduras e é ativa durante o dia. A espécie *Morpho deidamia*, conhecida como borboleta-morfo, se caracteriza pelas asas com coloração azul metálica na face dorsal e coloração marrom com padrões oculares na face ventral, alimenta-se de frutos em decomposição e são avistadas geralmente em áreas sombreadas.

As três espécies de *Morpho* coexistem na região amazônica, onde compartilham o mesmo habitat. Apesar disso, essas espécies possuem diferenças genéticas que impedem hibridização, como, por exemplo, variações na coloração das asas, comportamentos de acasalamento específicos e preferências por plantas hospedeiras distintas para a oviposição. Essas diferenças comportamentais e ecológicas contribuem para o isolamento reprodutivo, mesmo sem separação geográfica. Estudos recentes demonstraram alterações cromossômicas, como inversões no cromossomo Z observadas nessas espécies, essas inversões podem reduzir a recombinação genética em determinadas regiões do genoma, o que reforça as diferenças genéticas promovendo o isolamento reprodutivo entre as populações que compartilham o mesmo habitat. Sendo assim, essas espécies passaram pelo processo de especiação simpátrica.

Figura 32: Borboletas das espécies *Morpho achilles* (A), *Morpho helenor* (B) e *Morpho deidamia* (C)



Fonte: A - Ettore Balocchi (2006); B - Adrian Antunes (2013);
C - Judy Gallagher (2012)

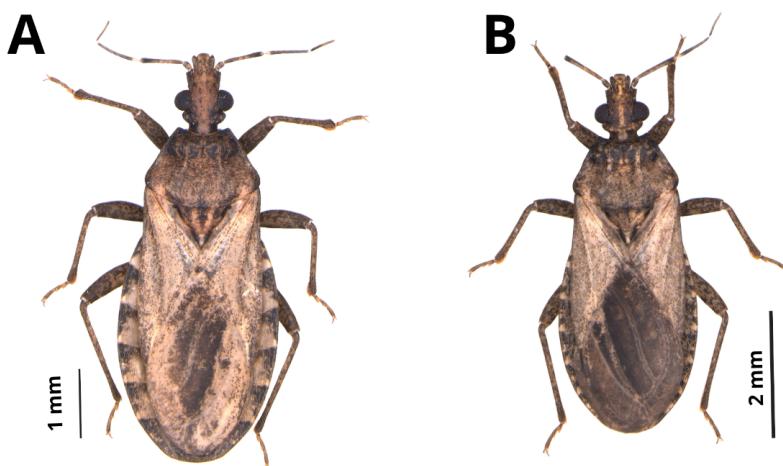
Triatomíneos hematófagos (Hernández *et al.*, 2022)

O gênero *Psammolestes* possui três espécies identificadas de triatomíneos: *P. arthuri*, *P. tertius* e *P. coreodes*, estão comumente associadas a ninhos de aves e são potenciais vetores do *Trypanosoma cruzi*, agente causador da doença de Chagas. A espécie *P. arthuri* distribui-se nas planícies orientais da Colômbia e Venezuela, habitando áreas quentes e úmidas, a espécie *P. tertius* ocorre em regiões do Cerrado e Caatinga no Brasil, preferindo altitudes mais elevadas com clima intermediário e, por fim, *P. coreodes* é encontrado no Chaco da Argentina, Paraguai, Bolívia e Brasil, ocupando áreas mais secas e frias. A forte associação com aves sugere uma menor relevância epidemiológica na transmissão do *T. cruzi* ao ser humano, embora infecções naturais tenham sido registradas.

Estudos filogenéticos indicam que *P. coreodes* e *P. tertius* são geneticamente mais semelhantes entre si do que com *P. arthuri*,

sugerindo que a bacia amazônica atuou como uma barreira geográfica que separou essas espécies durante o processo de especiação, separando espécies tropicais e subtropicais-temperadas (Figura 33). Esse isolamento geográfico levou à interrupção do fluxo gênico entre as populações, permitindo que diferenças genéticas se acumulassem ao longo do tempo, resultando no isolamento reprodutivo e na formação de novas espécies. Portanto, pode-se dizer que este gênero passou por **especiação alopátrica**.

Figura 33: Triatomíneos das espécies *Psammolestes tertius* (A) e *Psammolestes coreodes* (B)



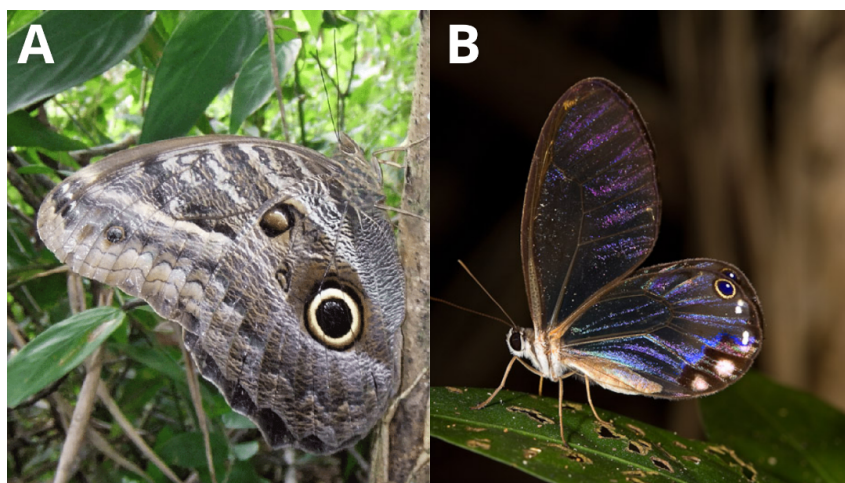
Fonte: Jader de Oliveira (2023)

Borboleta transparente e Borboleta coruja (Spaniol *et al.*, 2020)

As borboletas da espécie *Caligo teucer* (borboleta-coruja) e *Cithaerias andromeda* (borboleta-transparente) são borboletas pertencentes à família *Nymphalidae* (Figura 34). São caracterizadas por possuírem manchas em formato de olhos e as asas transparentes, respectivamente. A borboleta-coruja recebe esse nome devido à coloração de suas asas serem semelhantes aos olhos de uma coruja, usando essa tática como mecanismo de

defesa contra predadores. Já a borboleta transparente recebe esse nome devido ao translúcido em suas asas e a ausência de cor nas escamas.

Figura 34: Borboletas das espécies *Caligo teucer* (A) e *Cithaerias andromeda* (B)



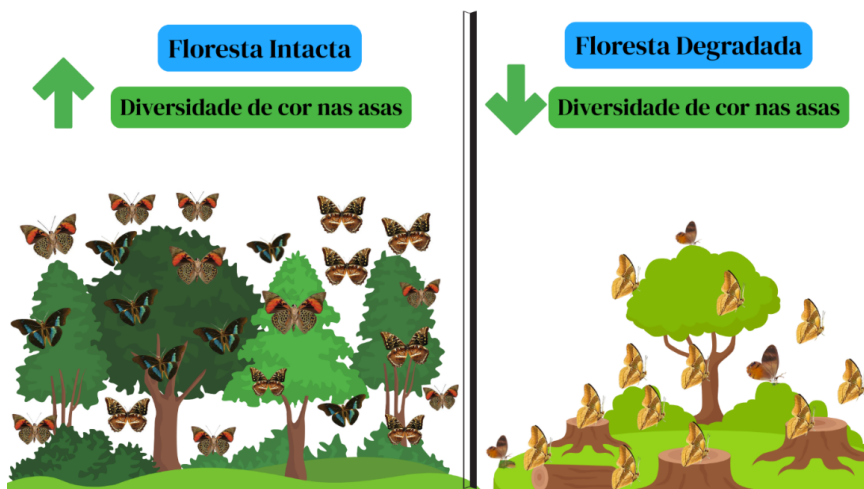
Fonte: Almir Cândido de Almeida (2009)¹⁶

Na natureza, a história evolutiva das borboletas é refletida na variação fenotípica das asas, ou seja, nas diferentes colorações que as asas podem assumir, sejam elas de coloração chamativa ou assumindo colorações que permitem a camuflagem, como manchas oculares e o mimetismo. Devido a mudanças no ambiente, como a retirada da cobertura vegetal e alterações nos ambientes de luz, muitas espécies de borboletas perdem a capacidade de se ocultar no ambiente, ficando suscetíveis à ação de predadores. No entanto, algumas espécies conseguem se ajustar às pressões do ambiente e desenvolver táticas que permitam a sobrevivência e a permanência nesses ambientes. Nas áreas mais degradadas foram encontradas mais borboletas sem cor, enquanto nas porções

¹⁶ Disponível em: <https://www.flickr.com/photos/almircandido/5023650178>. Acesso em: 5 fev. 2025.

de florestas mais intactas, foram encontradas mais borboletas coloridas, conforme estudo de Spaniol *et al.* (2020) (Figura 35). Este estudo foi amplamente comentado dentro da temática descolorindo a floresta amazônica. Por isso, o caso que envolve as espécies *Caligo teucer* e *Cithaerias andromeda* é um exemplo de **seleção natural**.

Figura 35: O efeito da degradação de habitat afeta a diversidade e cor das borboletas na Amazônia



Fonte: Souza (2025), baseado em Spaniol *et al.* (2020).

Casos em vertebrados

Piramboia (Carneiro *et al.*, 2021)

Também conhecida como piramboia, a espécie *Lepidosiren paradoxa* é o único peixe pulmonado da América do Sul e habita as bacias Amazônica e Paraná-Paraguai (Figura 36). É um peixe de aspecto alongado, semelhante às enguias, podendo atingir até 1,25 metros de comprimento. Quando jovem, apresenta coloração preta com manchas douradas e assume a coloração cinza ou marrom na fase adulta. Possui filamentos denominados aletas,

posicionadas na parte dorsal e pélvica, conectadas ao membro por um osso, característica que a aproxima dos vertebrados terrestres. Possui pulmões funcionais e realiza respiração aérea, como o peixe-boi, as brânquias estão presentes, mas são reduzidas. Na fase adulta, é onívora, se alimentando de pequenos peixes, crustáceos, algas e moluscos, ela tritura o alimento através de placas dentárias rígidas. Durante a estação seca, a piramboia se enterra no lodo, criando uma câmara a cerca de 30-40 cm de profundidade com pequenos orifícios para a respiração. Nessa fase, reduz seu metabolismo e secreta uma camada de muco para manter a umidade corporal e evitar ressecamento. Estudos revelaram que a *Lepidosiren paradoxa* possui um dos maiores genomas do reino animal, com aproximadamente 91 bilhões de pares de bases, cerca de 30 vezes maior que o genoma humano.

Figura 36: Espécie *Lepidosiren paradoxa*



Fonte: Meus Animais (2022)¹⁷

¹⁷ Disponível em: <https://meusanimais.com.br/piramboia-peixe-pulmoes/>. Acesso em: 5 fev. 2025.

De acordo com análises moleculares, há duas linhagens crípticas do peixe pulmonado, uma na bacia do Amazonas e outra na bacia Paraná–Paraguai. A divergência genética entre as duas populações foi evidenciada pelo fato de que a distância genética entre as linhagens das bacias Amazônica e Paraná–Paraguai era aproximadamente 20 vezes maior que a divergência intrabacia (dentro da mesma bacia). A especiação provavelmente ocorreu por um processo de isolamento geográfico entre as bacias, com uma separação mais antiga, datada de cerca de sete milhões de anos, mas com uma divergência inicial entre as linhagens da bacia de *Lepidosiren* ocorrendo durante o Cretáceo, há cerca de 100 milhões de anos. Durante o Mioceno, a separação das bacias do Amazonas e do Paraná–Paraguai, que ocorreram devido a eventos tectônicos e captura de cabeceiras, contribuiu para o isolamento das linhagens e possibilitou o acúmulo de divergências genéticas. Por conta da diferença genética e ainda assim a semelhança morfológica, pode-se dizer que essa espécie apresenta **especiação alopátrica**.

Pererecas do gênero *Dendropsophus* (Pirani *et al.*, 2020)

Essas pererecas são caracterizadas pela presença de discos adesivos nas extremidades dos dedos, o que lhes permite escalar árvores, pedras e até paredes, há cerca de 60 espécies no Brasil. Essas pererecas habitam uma variedade de ambientes, como áreas abertas, florestas tropicais úmidas de baixa altitude e regiões de altitude mais elevada. Possuem coloração variada, que vai desde manchas amareladas, marrons, vermelhas até mesmo pretas.

Os machos possuem o comportamento de atrair as fêmeas através da vocalização, podendo até apresentar comportamento agressivo com outros machos como empurrões e chutes para estabelecer dominância territorial.

Um estudo com o grupo *Dendropsophus leucophyllatus*, que abriga outras 10 espécies descritas, investigou a diversidade e a especiação deste gênero (Figura 37). A especiação neste grupo

começou no início do Mioceno, há cerca de 18,7 milhões de anos, a partir de ancestrais distribuídos na região do Domínio do Pacífico, neste período um corredor ao sul provavelmente conectava a Amazônia ocidental à porção sul da Mata Atlântica, facilitando a dispersão e diversificação das espécies.

Figura 37: Espécie *Dendropsophus leucophyllatus*



Fonte: Júlio Nauan Caruta (2015)

O estudo demonstrou que várias espécies do grupo coexistem geograficamente na Amazônia, mas que elas tendem a ocupar habitats distintos, o que sugere que a paisagem impõe restrições às suas capacidades de dispersão. Isso indica que este gênero pode ter passado por **especiação parapátrica**, mesmo na ausência de barreiras físicas evidentes. Por exemplo, *Dendropsophus mapinguari* (Figura 38) é encontrada exclusivamente em áreas de várzea e igapó, habitats caracterizados por inundações sazonais, enquanto *Dendropsophus sarayacuensis* (Figura 39) prefere lagoas temporárias em florestas de terra firme e pântanos.

Essas preferências de habitat distintas reduziram o fluxo gênico entre as populações, promovendo a divergência e a formação de novas espécies.

Figura 38: Espécie *Dendropsophus mapinguari*



Fonte: Pedro LV Peloso (2016)

Figura 39: Espécie *Dendropsophus sarayacuensis*



Fonte: Mauro Teixeira Junior (2022)

De maneira semelhante, fatores ecológicos podem ter contribuído para a divergência entre *Dendropsophus bifurcus* e *Dendropsophus rossalleni* (Figura 40). A primeira é uma espécie maior, habitando lagoas rasas em áreas abertas, enquanto a segunda é menor e é encontrada em habitats de várzea. Essas diferenças ecológicas provavelmente desempenharam um papel na especiação dessas linhagens. Embora rios centrais da Amazônia possam atuar como barreiras de dispersão para alguns táxons, muitas espécies deste grupo não demonstram restrições significativas de distribuição causadas por esses rios. Isso sugere que a formação dos rios pode atuar mais como barreiras secundárias ao fluxo gênico, dependendo das preferências de habitat e capacidades de dispersão das espécies, do que como barreiras primárias que separam populações ancestrais. Portanto, o tipo de especiação que deve ter ocorrido é a parapátrica.

Figura 40: Espécies *Dendropsophus bifurcus* (A) e *Dendropsophus rossalleni* (B)



Fonte: Alberto Sanchez-Vialas (2017); Senhorita Katy A. Upton (2010)

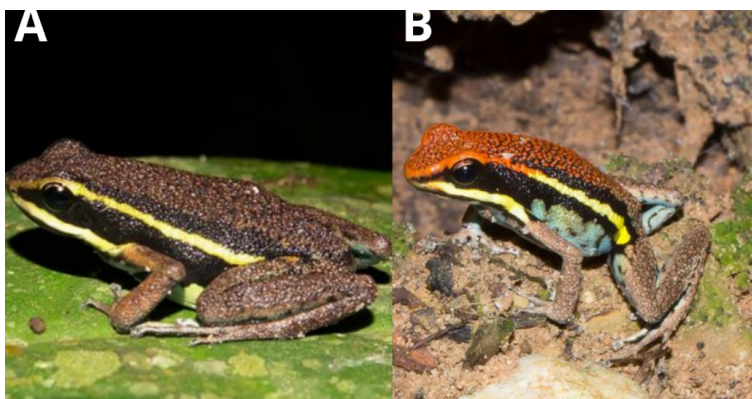
Rãs venenosas (French *et al.*, 2019)

O gênero *Ameerega* é composto por rãs venenosas da família *Dendrobatidae*, distribuídas principalmente na América do Sul, em países como Bolívia, Brasil, Peru, Colômbia, Venezuela, Guiana e Suriname. As espécies de *Ameerega* compartilham características morfológicas, como a presença de dorsos inteiramente granulares

e abdômenes escuros com manchas claras, geralmente azuladas. São animais diurnos que vocalizam em ambientes iluminados, como bordas de matas ribeirinhas e ambientes rupestres. Durante a estação chuvosa, os machos emitem chamadas de anúncio compostas por notas únicas com frequência ascendente.

A especiação dentro deste gênero é complexa e envolve diversos fatores, incluindo variação morfológica, vocalizações, genética e interações ecológicas. A especiação ocorrida nessas duas espécies aponta evidências de introgressão histórica entre as espécies irmãs *A. petersi* e *A. cainarachi*, com transferência de material genético entre elas ao longo do tempo, através de eventos de hibridização seguidos de retrocruzamentos, ou seja, os híbridos entre as espécies parentais se reproduziram com uma das espécies originais, possibilitando que genes de uma espécie sejam introduzidos na outra (Figuras 41).

Figura 41: Anuros das espécies *Ameerega petersi* (A) e *Ameerega cainarachi* (B)



Fonte: Demian Hiß (2020); Bas van de Meulengraaf (2013)

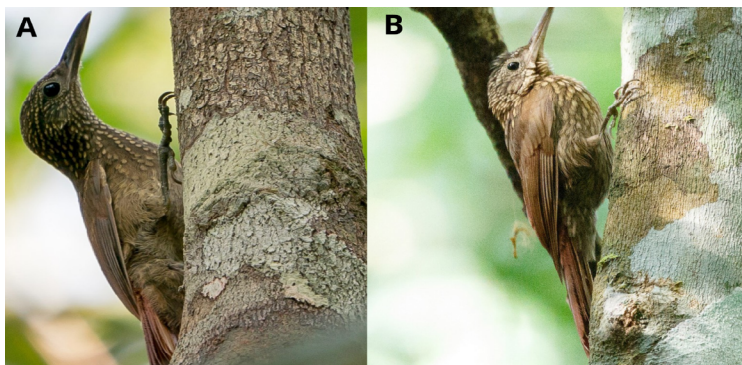
É conhecido que essas espécies habitam uma zona de transição entre os Andes e a Amazônia de Planície, região que sofreu mudanças climáticas constantes, como temperatura e precipitação durante o Pleistoceno. Isso influenciou na dispersão de espécies,

que desceram das costas andinas em direção para áreas mais baixas da floresta amazônica. Essas espécies estão situadas nas bacias dos rios Ucayali e Huallaga, em altitudes entre 274 e 800 metros. A espécie *A. cainarachi* habita áreas de floresta úmida tropical de terras baixas e colinas onduladas, enquanto *A. petersi* é encontrada em florestas tropicais úmidas de várzea e pré-montana. Devido a separação geográfica das populações por mais de 250 quilômetros, essas espécies sofreram **especiação alopátrica**.

Arapaçu-de-spix e Arapaçu-elegante (Aleixo, 2004)

O arapaçu-de-spix (*Xiphorhynchus spixii*) e o arapaçu-elegante (*Xiphorhynchus elegans*) são aves endêmicas da região Amazônica (Figura 42). O arapaçu-de-spix ocorre ao sul do rio Amazonas, entre os rios Tapajós e Tocantins, habitando florestas úmidas de terra firme e várzeas. Apresenta plumagem castanha com estrias claras na cabeça e no pescoço, asas e cauda castanho-avermelhada e bico longo e curvado. Alimenta-se principalmente de artrópodes, forrageando em troncos e galhos, frequentemente acompanha as formigas-de-correição e captura os insetos afugentados por elas. O arapaçu-elegante é encontrado na Amazônia ocidental e meridional e em outros países como Bolívia, Brasil, Colômbia, Equador e Peru. Essa espécie habita em florestas úmidas de terra firme e áreas de várzea, preferindo o interior das florestas, mas também sendo encontrado em bordas de florestas secundárias. Apresenta plumagem marrom-avermelhada com estrias claras na cabeça e no peito, além de um bico longo e relativamente fino.

Figura 42: Espécies de *arapaçus*: (A) *Xiphorhynchus elegans*; (B) *Xiphorhynchus spixii*



Fonte: João Quental (2017); Silvia Faustino Linhares (2018)

Estudos filogenéticos e de genética de populações indicam que eventos históricos, como incursões marinhas no Mioceno e mudanças climáticas no Pleistoceno, contribuíram para o isolamento e divergência das populações de *Xiphorhynchus*. Elevações no nível do mar resultaram na formação de grandes lagos e sistemas fluviais, isolando populações em áreas como o escudo brasileiro e a encosta oriental dos Andes. Estudos recentes observaram a coexistência de subespécies de *Xiphorhynchus elegans* em uma mesma área sem isolamento geográfico completo. Em algumas áreas, como no vale do rio Ucayali, no Peru, observa-se o contato entre as subespécies *X. e. insignis* e *X. e. ejuruanus*, indicando zonas de contato onde ocorre fluxo gênico entre elas. Portanto, pode-se dizer que as aves deste gênero passaram pelo processo de **especiação alopátrica** e **especiação parapátrica**.

Jacamim (Ribas *et al.*, 2011)

Jacamins são aves pertencentes à família *Psophiidae* localizadas na região amazônica, seu nome vem do tupi *Yaka'mi* e significa cabeça pequena (Figura 43). Os jacamins vivem em bandos,

consomem frutos, insetos, pequenos insetos e até carniça, sendo popularmente conhecidos em algumas regiões como urubu-da-terra. O gênero *Psophia* possui 3 espécies descritas e 7 subespécies, sendo elas: *Psophia crepitans napensis* (jacamim-do-napo), *Psophia crepitans crepitans* (jacamim-de-costas-cinzentas), *Psophia leucoptera* (jacamim-de-costas-brancas), *Psophia crepitans ochroptera* (Jacamim-de-costas-amarelas), *Psophia viridis viridis* (jacamim-de-costas-verdes), *Psophia viridis dextralis* (jacamim-de-costas-marrom), *Psophia viridis interjecta* (jacamim-do-xingu) e *Psophia viridis obscura* (jacamim-de-costas-escuras), dos quais as 5 últimas são endêmicas do Brasil. Com o estudo de Ribas *et al.* (2011), foi feita a análise genética, na qual conseguiram-se dados que provam a existência de 8 e não apenas 3 espécies diferentes de jacamins.

Figura 43: Jacamim das espécies *Psophia crepitans* (A) e *Psophia viridis* (B)

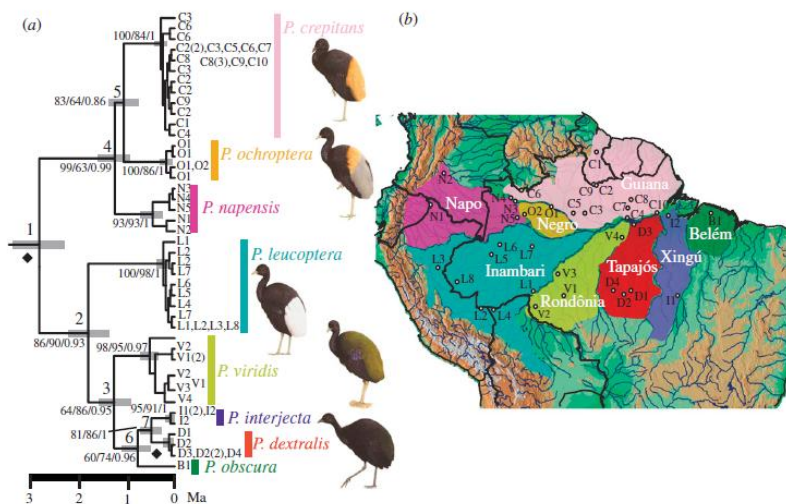


Fonte: Andres Vasquez Noboa (2024); Luiz Matos (2017)

A especiação do gênero *Psophia* está ligado às drenagens e aos cursos de água que ocorrem na região, em que os rios atuam como barreiras geográficas e isolam populações. A espécie *P. c. ochroptera* ocorre ao norte do rio Amazonas e a oeste do rio Negro, já a espécie *P. v. viridis* ocorre na região entre os rios Madeira e Tapajós.

A espécie *P. v. dextralis* ocorre entre os rios Tapajós e Xingu. A espécie *P. v. interjecta* ocorre da margem leste do Xingu à margem ocidental do rio Tocantins e a espécie *P. v. obscura* ocorre da margem leste do Tocantins até o Maranhão ocidental. Sabe-se, portanto, que os interflúvios dos grandes rios determinam a espécie de jacamim. A primeira separação ocorreu entre o norte e o sul da região, quando surgiu o Rio Amazonas. Atualmente, são oito espécies com diferenças genéticas e na plumagem (Figura 44). Sendo assim, é possível dizer que essas espécies passaram pelo processo de **especiação alopátrica**.

Figura 44: Mapa com a localização geográfica das espécies de jacamim



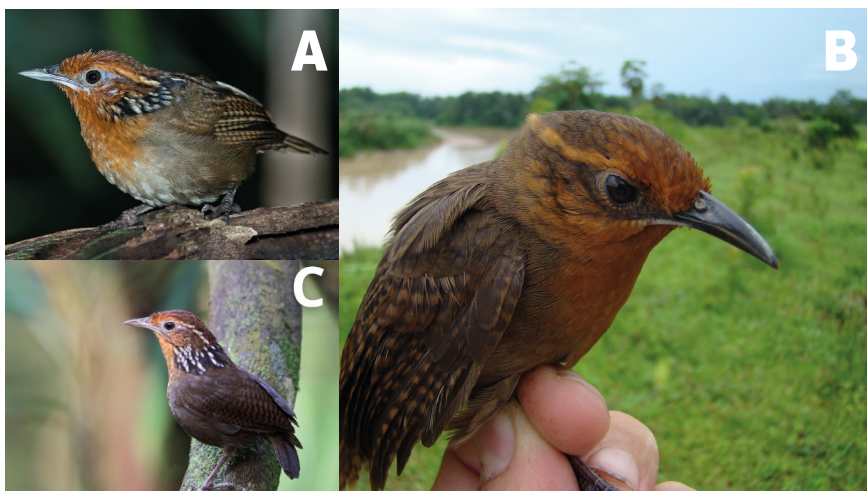
Fonte: Ribas *et al.* (2011)

Uirapuru (Bocalini; Silveira, 2015)

As aves pertencentes ao gênero *Cyphorhinus* são popularmente conhecidas como uirapurus e possuem um canto melódico característico. São encontradas em diversos países da América do Sul, como Colômbia, Venezuela, Guiana, Equador, Peru e Bolívia. O nome uirapuru vem do tupi *wirapu'ru* e significa homem-

pássaro, nome associado às lendas amazônicas. Habita o interior de florestas de terra firme e florestas de várzea. Sua alimentação baseia-se no consumo de frutas e insetos, eventualmente segue as formigas-de-correição. A espécie *Cyphorhinus arada* atualmente possui 6 subespécies: *C. a. arada*, *C. a. transfluvialis*, *C. a. modulator*, *C. a. salvini*, *C. a. interpositus* e *C. a. griseolateralis* (Figura 45).

Figura 45: Uirapuru das subespécies *Cyphorhinus arada salvini* (A), *Cyphorhinus arada modulator* (B) e *Cyphorhinus arada* (C)

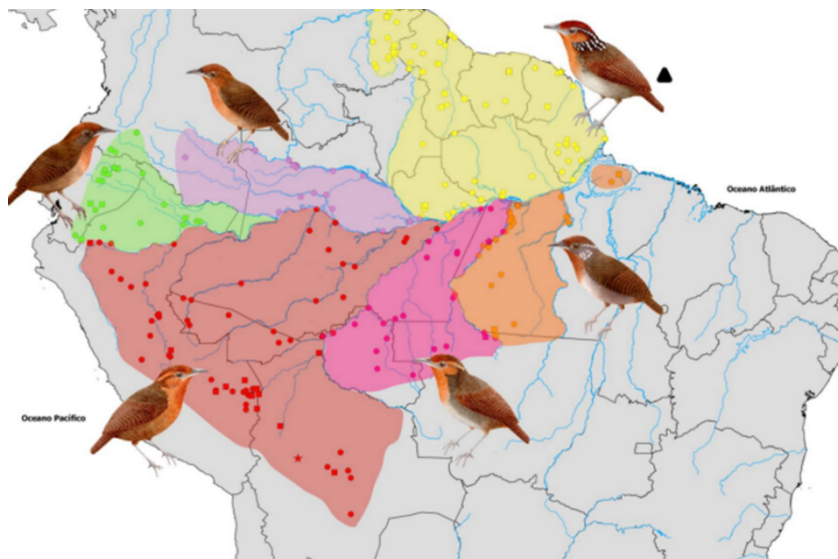


Fonte: Luciano Bernardes (2018); Edson Guilherme (2018); Anselmo d’Affonseca (2016)

A diversificação dessa espécie parece ter sido impulsionada por barreiras geográficas, onde os grandes rios atuaram como essa barreira e dividiram as populações, provocando diferenças morfológicas, como, por exemplo, na coloração da plumagem, variação vocal dos cantos e, conseqüentemente, no isolamento reprodutivo, já que para as aves o canto é um dos principais fatores para a reprodução. Estudos realizados com as subespécies demonstraram divergência genética (6,8%) entre algumas populações, também não foram encontrados grandes sinais de hibridização em grande escala, exceto em algumas áreas

de contato, como no interflúvio Tapajós-Xingu (Figura 46). Por isso, pode-se dizer que essas aves podem estar passando por um processo de **especiação alopátrica**.

Figura 46: Distribuição geográfica da espécie *Cyphorhinus arada*



Fonte: Bocalini e Silveira (2015)

Dançador-de-coroa-dourada (Barrera-Guzmán *et al.*, 2018)

Lepidothrix vilasboasi, também conhecido como dançador-de-coroa-dourada, é uma espécie endêmica da Amazônia brasileira, ocorrendo em uma região restrita no estado do Pará, sendo localizada no alto do rio Cururu, ao sul do rio Jamanxim e ao norte da serra do Cachimbo (Figura 47). Essa ave habita florestas tropicais úmidas e bordas de mata de terra firme, é conhecida pelos leques que os machos formam para exibição reprodutiva. O nome científico tem origem nas palavras gregas *lepis* (escama, marcas) e *thrix* (cabelo), e “vilasboasi” é uma homenagem aos irmãos Vilas Boas, antropólogos e pioneiros brasileiros, assim, o nome desta espécie é interpretado como “Ave de Vilas Boas com marcas no

cabelo”. O macho tem a coloração verde brilhante, com o ventre amarelo e a cabeça também verde, possuindo uma coroa dourada que se estende até a nuca. A íris é esbranquiçada, as pernas têm coloração rosada pálida, e o bico é pálido com tonalidade azulada. A fêmea apresenta uma coroa semelhante, mas com uma leve coloração azulada e o uropígio é verde.

Figura 47: Espécie *Lepidothrix vilasboasi*



Fonte: Héctor Bottai (2024)

Estudos genéticos sobre o dançador-de-coroa-dourada indicam que esta espécie é um híbrido evolutivo, originado da mistura genética entre as espécies *Lepidothrix nattereri* e *Lepidothrix iris*. A hibridização resultou em uma modificação estrutural das penas da coroa, o que reduziu o brilho da coloração original (Figura 48). Para compensar essa perda, a seleção natural favoreceu a deposição de carotenóides, originando a coroa dourada característica da espécie.

Figura 48: Da esquerda para a direita: *Lepidothrix iris*, *Lepidothrix nattereri* e *Lepidothrix vilasboasi*



Fonte: Maya Faccio (2023) e Fábio Olmos (2018)

Esse pássaro representa um caso raro de especiação híbrida em vertebrados, onde a hibridização resultou na formação de uma nova linhagem evolutiva, sustentada pela seleção sexual e diferenciação morfológica. Este processo evolutivo ocorre quando duas populações distintas de uma mesma espécie ou de espécies diferentes se cruzam, produzindo descendentes híbridos. Esse processo geralmente ocorre quando as populações parentais estão em áreas geográficas diferentes, mas ainda podem se encontrar para se reproduzirem sob certas condições, como em zonas de contato. Portanto, também pode-se dizer que essa espécie está passando pelo processo de **especiação alopátrica**.

Cantador (L. Isler; R. Isler; Whitney, 2007; Cronemberger *et al.*, 2020)

As aves do gênero *Hypocnemis*, pertencentes à família *Thamnophilidae*, são conhecidas como cantadores. Atualmente este gênero possui 6 espécies, sendo estas: *Hypocnemis cantator* (cantador-da-guiana), *Hypocnemis subflava* (cantador-galego), *Hypocnemis flavescens* (cantador-sulfúreo), *Hypocnemis peruviana* (cantador-sinaleiro), *Hypocnemis ochrogyna* (cantador-ocráceo)

e *Hypocnemis striata* (cantador-estriado), ver Figuras 49A, 49B, 49C e 49D. Essas aves geralmente se alimentam de pequenos insetos e artrópodes, algumas espécies também acompanham os enxames de formigas-de-correição. Essas espécies possuem ampla distribuição na América do Sul e habitam principalmente o sub-bosque de florestas de terra firme e várzea, preferindo áreas densas próximas a clareiras ou margens de florestas.

Figura 49: Espécies cantador-sinaleiro *Hypocnemis peruviana* (A), cantador-calego *Hypocnemis subflava* (B), cantador-ocráceo *Hypocnemis ochrogyna* (C) e cantador-estriado *Hypocnemis striata* (D)



Fonte: Hector Bottai (2019), Adrian Rupp (2011), Bruno Renno (2014), Ester Ramirez (2015)

A história evolutiva deste gênero é diversificada. A espécie *H. peruviana* está localizada entre a margem esquerda do Rio Madeira e os países Bolívia e Peru, incluindo os estados do Amazonas e Acre, já a espécie *H. subflava* é encontrada apenas ao leste do Acre, no Brasil, até os países Bolívia e Peru, essas duas espécies competem pelo mesmo espaço e mesmo recurso, bem como possuem cantos semelhantes. Sendo assim, essas duas espécies passaram pelo processo de especiação simpátrica. Também há evidências de que as espécies *H. cantator* e *H. flavescens* passaram pelo processo de

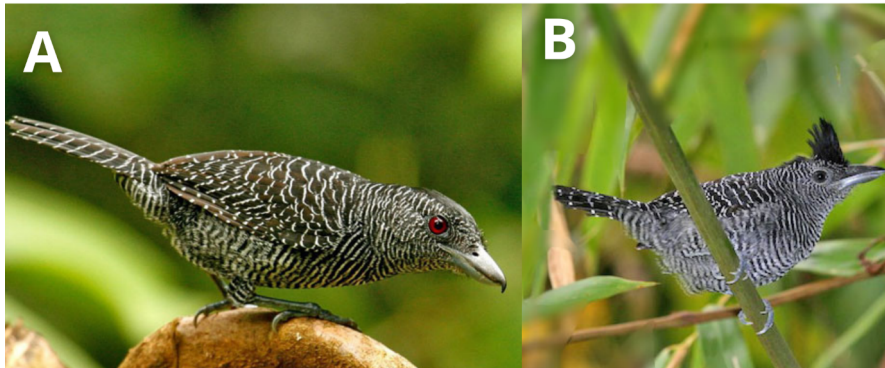
especiação parapátrica, pois não existem barreiras geográficas evidentes entre a distribuição da espécie. Estudos com as espécies *H. ochrogyna* e *H. striata* revelaram a presença de uma zona híbrida de contato, a especiação das espécies é completo e há uma barreira pós-zigótica entre elas, sendo assim, é possível dizer que as espécies passaram pelo processo de **especiação simpátrica**.

Choca-do-bambu e Papa-formiga-barrado (Miranda; Prestes; Aleixo, 2021)

As aves conhecidas como choca-do-bambu e papa-formiga-barrado, respectivamente, são caracterizadas pelas plumagens negras com estrias brancas, essas espécies apresentam dimorfismo sexual, portanto, as fêmeas são caracterizadas por possuírem a plumagem castanho escuro com estrias castanho claro. As chocas-do-bambu habitam bambuzais de florestas úmidas, enquanto as papas-formiga-barrada preferem locais de capoeira, bordas e clareiras e quedas d'água, ambas espécies se alimentam de insetos. Sua distribuição geográfica alcança outros países, como Bolívia e Peru, e no Brasil ocorre ao sul do Amazonas, podendo se estender ao Acre (*Cymbilaimus lineatus*) e ao Mato Grosso e leste até o Rio Tapajós (*Cymbilaimus sanctaemariae*), mostradas na Figura 50.

Estudos indicam que *C. sanctaemariae* se separou como uma linhagem distinta no início da diversificação de *Cymbilaimus*, possivelmente após o estabelecimento de florestas dominadas por bambu na Amazônia ocidental. Além disso, *C. sanctaemariae* e *C. lineatus* teriam se diferenciado amplamente em alopatria durante o Pleistoceno médio, mas posteriormente entraram em contato secundário na Amazônia ocidental, onde ocorreram eventos de introgressão genética. Ambas as espécies compartilham partes da Amazônia ocidental, no entanto, habitam nichos ecológicos distintos, embora haja uma mínima interação entre as espécies pode-se afirmar que passaram por **especiação alopátrica**, ainda que não totalmente.

Figura 50: Espécies de papa-formiga-barrado: (A) *Cymbilaimus lineatus*; (B) *Cymbilaimus sanctaemariae*



Fonte: Anselmo D’Affonseca (2017), Andrew Whittaker (2023)

Mãe-de-taoca-papuda e Mãe-de-taoca arlequim (Del-Rio *et al.*, 2022)

As espécies *Rhegmatorhina hoffmannsi* (mãe-de-taoca-papuda) e *Rhegmatorhina berlepschi* (mãe-de-taoca-arlequim) são facilmente distinguíveis pelas cores do peito e da garganta: a *R. hoffmannsi* tem peito e garganta brancos, enquanto o *R. berlepschi* tem um peito marrom avermelhado e um preto na garganta (Figura 51). Toda sua área de distribuição ocorre no interflúvio do rio Madeira e Tapajós, dois dos principais rios afluentes do Amazonas. *R. berlepschi* é encontrada na margem oeste do médio e baixo rio Tapajós, a oeste até a margem leste do rio Sucunduri, já *R. hoffmannsi* ocupa a região entre a margem leste do rio Madeira e a margem oeste do rio Sucunduri e estendendo para o leste do médio rio Juruena. O contato secundário entre espécies, muitas vezes, resulta na formação de uma zona híbrida, com o eventual destino da hibridação de espécies dependentes de forças evolutivas e ecológicas. Esse estudo examinou esse processo na Bacia Amazônica, conduzindo a primeira caracterização genômica e fenotípica na zona híbrida formada após contato

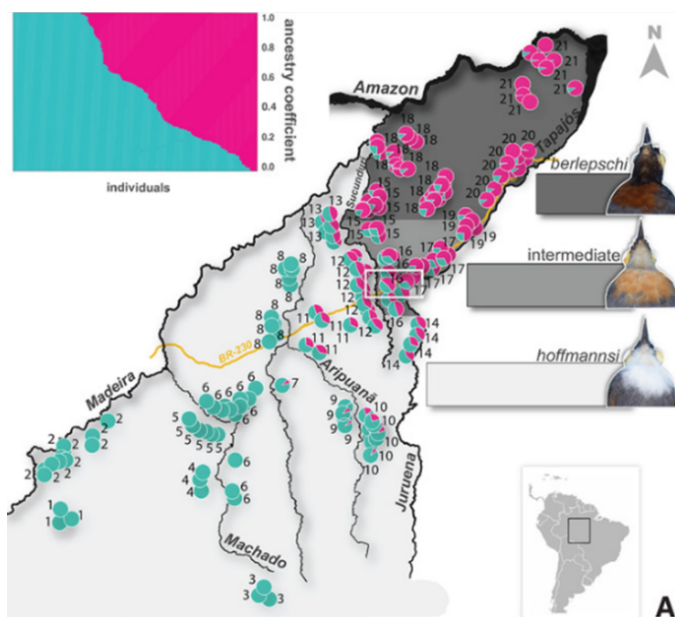
secundário entre duas espécies de mãe-de-taoca: *Rhegmatorhina hoffmannsi* e *Rhegmatorhina berlepschi*. Foi encontrado um grande deslocamento geográfico (aprox. 120 km) entre as células nucleares e mitocondriais, e as hipóteses para isso são, de modo geral, alterações genéticas, como a deriva genética. Esse estudo levanta evidências de uma possível **especiação parapátrica** com a formação de híbridos ao longo da área de distribuição das espécies (Figura 52).

Figura 51: Espécies *Rhegmatorhina hoffmannsi* (A) e *Rhegmatorhina berlepschi* (B)



Fonte: Bruno Rennó (2015); Hector Bottai (2023)

Figura 52: Distribuição geográfica das espécies de mãe-de-taoca evidenciando a formação de híbridos com possível especiação parapátrica na região amazônica



Fonte: Del-Rio *et al.* (2022)

Mãe-de-taoca (Carneiro *et al.*, 2022)

As aves do gênero *Phlegopsis* são endêmicas da região amazônica, habitando florestas úmidas e densas. Possuem coloração predominante preta, mas algumas espécies podem possuir asas e caudas com penas vermelhas ou cor ferrugem, são caracterizadas principalmente por possuírem um anel ocular vermelho. Conhecidas como bare-eye ou mãe-de-taoca, essas aves são insetívoras, e possuem um hábito peculiar: são seguidoras das formigas-de-correição, se alimentando dos insetos afugentados pelas formigas carnívoras. São descritas três espécies desse gênero, sendo: *Phlegopsis erythroptera*, *Phlegopsis nigromaculata* e *Phlegopsis borbae* (Figura 53). Este gênero também possui subespécies como: *Phlegopsis*

nigromaculata bowmani, *Phlegopsis nigromaculata confinis*, *Phlegopsis nigromaculata nigromaculata*, *Phlegopsis nigromaculata paraensis*, *Phlegopsis erythroptera erythroptera* e *Phlegopsis erythroptera ustulata*.

Figura 53: Espécies *Phlegopsis borbae* (A), *Phlegopsis nigromaculata* (B) e *Phlegopsis erythroptera* (C)



Fonte: Silvia Faustino Linhares (2024); João Quental (2016); Priscilla Diniz (2022)

A análise filogenética do gênero *Phlegopsis* revelou nove linhagens bem definidas, cada uma correspondendo a áreas específicas de endemismo na Amazônia. A divergência inicial dentro de *Phlegopsis* ocorreu há aproximadamente 1,6 milhões de anos, separando o ancestral de *P. e. erythroptera* e *P. e. ustulata* das demais linhagens. Subsequentemente, *P. borbae* divergiu das linhagens do clado *P. nigromaculata* por volta de 1,2 milhões de anos atrás. Esses eventos de divergência temporal sugerem que a especiação dentro do gênero foi influenciada por processos geológicos e climáticos durante o Quaternário, levando ao isolamento e diferenciação das populações em distintas áreas na Amazônia. Os grandes rios atuaram como barreiras naturais,

isolando populações e promovendo a formação de novas espécies de *Phlegopsis*, sendo assim, este gênero passou pelo processo de **especiação alopátrica**.

Bacurauzinho (Fernandes *et al.*, 2024)

A espécie *Chordeiles pusillus* é conhecida popularmente como bacurauzinho, é uma ave de hábitos noturnos encontrada em diversos países como Colômbia, Argentina, Bolívia, Brasil, Guiana, Suriname e Venezuela, essa espécie habita ambientes de savana secos ou áreas inundadas sazonalmente (Figura 54). É insetívora e captura os insetos em pleno voo durante o crepúsculo ou à noite, durante o dia costuma descansar no chão, utilizando sua coloração predominantemente marrom a castanho claro como camuflagem.

O estudo realizado sobre o bacurauzinho revelou a existência de duas linhagens geneticamente distintas e monofiléticas: uma relacionada às savanas de areia branca dentro da Amazônia e outra presente em savanas não amazônicas. A separação entre essas linhagens ocorreu há cerca de 1 milhão de anos. As duas linhagens são encontradas no Parque Nacional de Viruá, em Roraima, uma região que combina savanas de areia branca e savanas típicas não amazônicas. A floresta amazônica pode atuar como uma barreira natural, limitando a dispersão dessas linhagens. A especiação do bacurauzinho pode ter sido impulsionada pela floresta amazônica, que atua como barreira geográfica, isolando as populações e contribuindo para a divergência genética, tornando cada espécie mais bem adaptada a seus respectivos ambientes. Sendo assim, é possível afirmar que a espécie *Chordeiles pusillus* passou pelo processo de especiação, seja **simpátrica** ou **alopátrica**.

Figura 54: Bacurauzinho da espécie *Chordeiles pusillus*



Fonte: Josh Vandermeulen, 2023

Morcego-anão-da-fruta (Silva *et al.*, 2024)

A espécie *Rhinophylla pumilio* é uma espécie de morcego popularmente conhecido como morcego-anão-da-fruta (Figura 55). Este morcego é frugívoro e tem distribuição na América do Sul, abrangendo países como Equador, Bolívia, Colômbia, Peru, Venezuela e Guianas, enquanto no Brasil está presente na região amazônica e na Mata Atlântica. Possui uma coloração marrom-avermelhada, orelhas arredondadas sem pelos e uma folha nasal que se estende até a testa, que auxilia na ecolocalização. Possui hábitos noturnos e habita florestas primárias e secundárias, áreas degradadas e plantações.

Estudos recentes demonstraram diferenças genéticas morfológicas, como por exemplo o tamanho do crânio, entre as populações da Mata Atlântica e da Floresta Amazônica. Geneticamente, as linhagens de *R. pumilio* diferem em até 3,3%, o que indica que as populações estão seguindo caminhos evolutivos

diferentes. O isolamento geográfico entre as populações, separados pelo bioma cerrado, favorece as divergências genéticas e interrompe o fluxo gênico entre as populações. Sendo assim, é possível dizer que a espécie *Rhinophylla pumilio* está passando por processo de **especiação alopátrica**.

Figura 55: Morcego-anão-da-fruta da espécie *Rhinophylla pumilio*



Fonte: Quentin Uriot (2024)

Macaco-de-cheiro (Alfaro *et al.*, 2015)

Os primatas do gênero *Saimiri* são popularmente conhecidos como macacos-de-cheiro ou macacos-esquilo. São distribuídos pela América do Sul e estão presentes na Bolívia, Peru, Venezuela, Colômbia, Costa Rica e Panamá. Possui hábitos diurnos e arborícolas, sua alimentação é baseada em frutos e insetos, podendo até consumir néctar de algumas flores. São caracterizados pela pelagem curta nas cores laranja, amarelo ou cinza, nas costas

e membros, na região da cabeça possuem a pelagem branca e manchas escuras ao redor dos olhos. Atualmente existem 57 espécies do gênero, sendo estas: *Saimiri sciureus* (Figura 56), *Saimiri cassiquiarensis*, *Saimiri boliviensis*, *Saimiri oerstedii*, *Saimiri ustus* e *Saimiri vanzolinii*. O macaco-de-cheiro recebe esse nome devido ao seu cuidado higiênico, cada macaco-de-cheiro limpa e arruma o próprio pelo, em seguida urinam na cauda e encharcam os pelos com as mãos.

Figura 56: Macaco-de-cheiro da espécie *Saimiri sciureus*



Fonte: Paul Cools (2019)

A especiação deste gênero ocorreu na última glaciação há cerca de 20.000 anos atrás. A origem dos saimiris modernos está associada aos centros de endemismo de Rondônia ou Inambari, no sul da Amazônia, ou possivelmente em áreas mais amplas que incluem os centros de Napo e Imeri. Os primatas se espalharam rapidamente, inicialmente no sul da Amazônia e posteriormente por toda a bacia amazônica, o que pode estar relacionada à drenagem do Lago Amazonas e à formação do Rio

Amazonas e seus principais afluentes, por isso, sugere-se que o gênero *Saimiri* habitava próximo a lagoas de planície e se espalhou para os ambientes florestas de várzea e fluviais de planície. A diversificação do gênero de *Saimiri* está associada aos grandes rios, que atuaram como barreiras geográficas, sendo assim, este gênero passou por **especiação alopátrica**.

Macaco-prego (Martins-Júnior *et al.*, 2018)

Os primatas pertencentes aos gêneros *Cebus* e *Sapajus*, da família *Cebidae*, são popularmente conhecidos como macaco-prego (Figura 57). Primatas do gênero *Cebus* são caracterizados por possuírem o corpo mais esguio e os membros longos, possuem a pelagem mais escura nas extremidades e há ausência de tufos na região da face, também são conhecidos como caiararas. Os macacos-prego do gênero *Sapajus* são caracterizados pelo corpo mais compacto e robusto, os pelos são mais longos e formam tufos, em formato de topete na região da cabeça. São onívoros e possuem alimentação variada desde frutos, folhas e sementes até ovos, insetos e pequenos vertebrados. Os caiararas têm ocorrência na América Central e América do Sul, enquanto os macacos-prego possuem ocorrência apenas na América do Sul, em países como Colômbia, Peru, Venezuela e Bolívia. Eles vivem em grupos, possuem inteligência e comportamento complexo, podendo até utilizar ferramentas.

Figura 57: Espécies de macaco-prego *Sapajus apella* (A) e caiarara *Cebus albifrons* (B)



Fonte: BioDiversity4All¹⁸

O surgimento dos macacos-prego ocorreu durante o Mioceno tardio, por volta de 6,8 milhões de anos, quando o ancestral desses primatas se divergiu nas linhagens de *Cebus* e *Sapajus*. A evolução destes dois gêneros foi complexa, estudos demonstram que ocorreu a hibridização de várias linhagens, sejam estas linhagens antigas ou recentes, bem como o contato em áreas sobrepostas. Essa divergência ocorreu sem a presença de uma barreira geográfica clara, bem como permitiu a coexistência de diferentes espécies no mesmo habitat e a diversificação dessas espécies. Sendo assim, os gêneros *Cebus* e *Sapajus* passaram pelo processo de **especiação simpátrica**.

Macaco zogue-zogue (Rocha; Barnett; Spironello, 2019)

Titís ou zogue-zogues são primatas neotropicais que ocorrem no norte e no leste brasileiro. *Plecturocebus baptista* e *Plecturocebus hoffmannsi* (Figura 58) são endêmicos da Amazônia brasileira, com

¹⁸ Disponível em: (A) <https://www.biodiversity4all.org/taxa/496700-Sapajus-apella>; (B) <https://www.biodiversity4all.org/taxa/1369294-Cebus-malitiosus>. Acesso em: 5 fev. 2025.

distribuição geográfica limitada pelo rio Paraná do Urariá e entre os rios Tapajós e Madeira, respectivamente. *P. baptista* possui a pelagem na coloração cinza no dorso e na cauda, com a parte interna dos membros e o ventre de cor avermelhada. A espécie *P. hoffmannsi* também possui coloração cinza, no entanto, a parte interna dos membros e o ventre são amarelados. Os zogue-zogues geralmente formam pares monogâmicos, com parceiros que duram por toda a vida. O cuidado com as crias é compartilhado, com os machos frequentemente carregando os filhotes e participando ativamente na sua proteção e alimentação. Esses pares defendem territórios específicos, utilizando vocalizações para demarcar suas áreas e afastar intrusos. São frugívoros, mas também podem se alimentar de folhas e insetos, são diurnos e arborícolas, se movendo entre os galhos com saltos e movimentos quadrúpedes.

Figura 58: Espécies de titis: (A) *Plecturocebus baptista*;
(B) *Plecturocebus hoffmannsi*



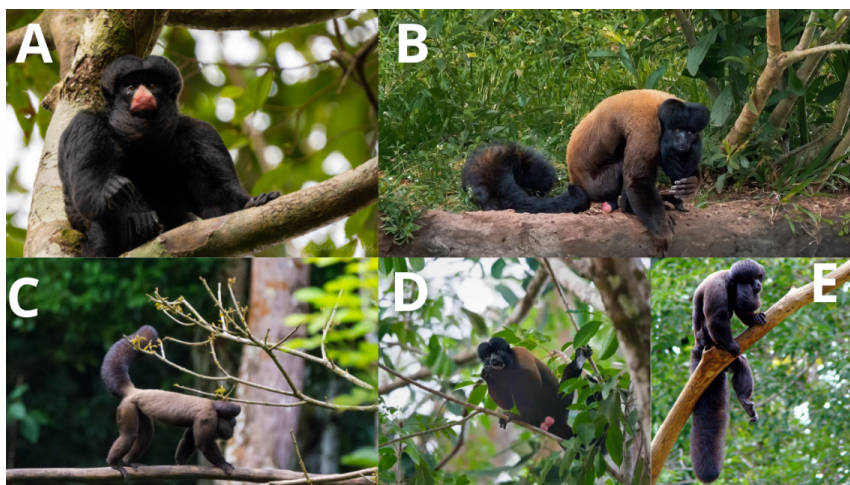
Fonte: Royle Safaris (2019); Caio Leonardo (2023)

A partir de estudos e observações realizadas no município de Maués, Amazonas, foi identificada a coexistência dessas espécies na mesma área geográfica, além disso, foi verificada a presença de um indivíduo com características intermediárias de coloração, o que sugere que seja um híbrido. Acreditava-se que as espécies de titis eram separadas por barreiras geográficas, como rios, seguindo um modelo de especiação alopátrica. Por estarem ocupando a mesma área, é possível dizer que essas espécies passaram pelo processo de **especiação simpátrica**.

Macaco cuxiú (Carneiro *et al.*, 2023)

O gênero *Chiropotes* foi designado por Lesson em 1840 e compreende os primatas popularmente conhecidos como cuxiú, palavra do tupi *kuxi'u* que significa espécie de macaco. Esses primatas possuem pelagem longa, tufo coroado na cabeça e barbas longas, a cauda também é peluda e espessa. Os cuxiús possuem hábitos diurnos, são essencialmente frugívoros e possuem dentes adaptados para quebrar frutos e sementes. São animais ativos que se movimentam de forma quadrúpede, realizando saltos de galho em galho, geralmente com impulso prévio e aterrissando nas mãos e pés, possuem comportamento de alimentação suspensa, onde se alimentam pendurados em galhos. Os cuxiús nascem com caudas preênses que são úteis para segurar firme a mãe. No entanto, quando eles têm cerca de dois meses de idade, a cauda perde a preensibilidade. Essa espécie vive em grandes grupos de 10 a 30 indivíduos e possuem um sistema social de fissão-fusão, ou seja, dentro do grupo há vários subgrupos menores, constituídos de machos, fêmeas e filhotes, o gênero tem expectativa de vida em média de 18 anos. Com base em dados moleculares, há 5 espécies de cuxiú: *Chiropotes chiropotes*, *Chiropotes satanas*, *Chiropotes sagulatus*, *Chiropotes utahicki* e *Chiropotes albinasus* (Figura 59).

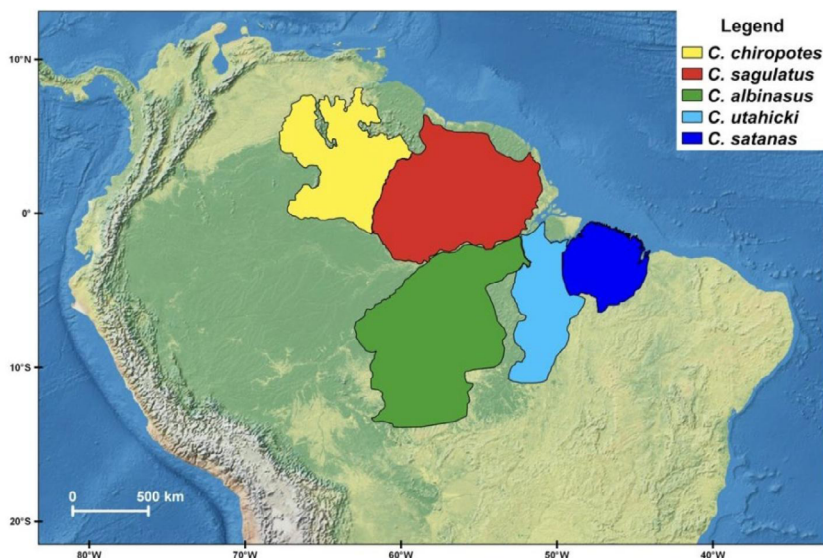
Figura 59: Espécies de macacos cuxiús: (A) *Chiropotes albinasus*, (B) *Chiropotes sagulatus*, (C) *Chiropotes utahicki*, (D) *Chiropotes chiropotes* e (E) *Chiropotes satanas*



Fontes: Jessica dos Anjos (2020); New England Primate Conservancy (2024); Nina Wenóli (2019); Allan Hopkins; Ana Cotta (2009)

A especiação do gênero *Chiropotes* ocorreu durante o Plio-Pleistoceno, período caracterizado por eventos de radiação e formação das bacias hidrográficas amazônicas, a cerca de 5 milhões de anos atrás. O ancestral das espécies atuais de *Chiropotes* ocupava inicialmente as áreas que hoje correspondem ao estado de Rondônia e a área do Rio Tapajós (Figura 60). A partir dessas regiões, os primatas se dispersaram para outras áreas da Amazônia, com barreiras geográficas, como grandes rios, desempenhando um papel crucial na separação das populações e no isolamento genético. Portanto, este gênero passou pelo processo de **especiação alopátrica**.

Figura 60: Distribuição geográfica das espécies existentes do gênero *Chiropotes*



Fonte: Jeferson Carneiro *et al.* (2023)

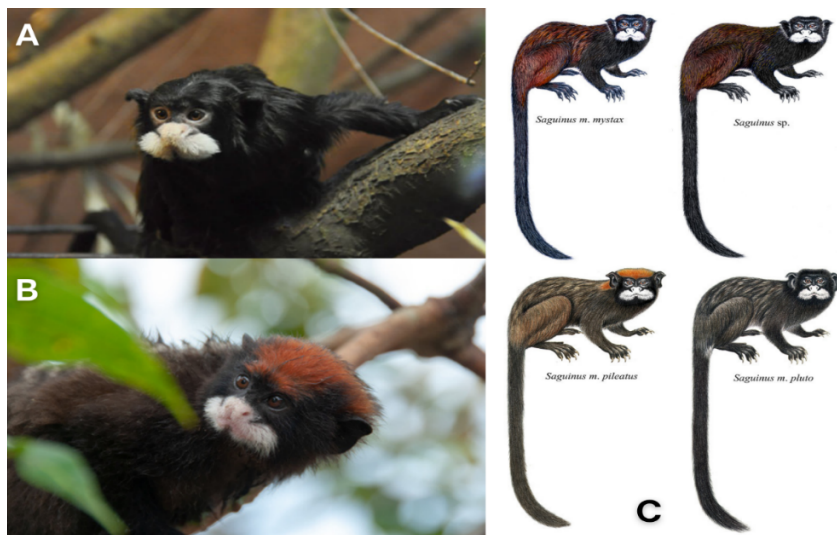
Há cerca de 4 milhões de anos (Ma), a espécie *Chiropotes albinasus* se diferenciou dos demais representantes do gênero. Posteriormente, há aproximadamente 2,65 Ma, surgiram duas linhagens distintas: uma ao sul do rio Amazonas (*Chiropotes satanas* e *Chiropotes utahicki*) e outra ao norte (*Chiropotes chiropotes* e *Chiropotes sagulatus*). Entre 1,4 e 1,3 Ma, ocorreram os últimos eventos de diversificação, dando origem às espécies modernas. Durante o Pleistoceno, as variações no volume do rio podem ter facilitado essa dispersão e a formação do rio Branco e da bacia Tocantins-Araguaia, que também foi um fator determinante para a especiação ao limitar o fluxo gênico entre diferentes populações.

Macaco sagui-de-bigode (Lopes *et al.*, 2023)

O sagui da espécie *Saguinus mystax* é um primata pertencente à família *Callitrichidae*, que abriga os menores primatas neotropicais e mais distintos morfologicamente. Essa espécie é popularmente conhecida como sagui-de-bigode devido à presença de tufo branco proeminente na face, também possui pelagem predominante preta, mas pode apresentar tons castanhos-avermelhados. São diurnos e arborícolas, com preferência de áreas de dossel fechado e vegetação densa, habitando as copas das árvores. São onívoros e se alimentam de frutos, néctar, insetos, pequenos vertebrados e seiva de árvores. Essa espécie vive em grupos de 4 a 15 integrantes, geralmente dominados por uma fêmea dominante, sendo esta maior que o macho. O sistema de acasalamento é poliândrico, ou seja, a fêmea acasala com vários machos e geralmente dá à luz a gêmeos. O cuidado parental é compartilhado entre os membros do grupo, especialmente os machos. Os saguis-de-bigode, como também diversas outras espécies frugívoras, possuem um papel importante na dispersão de sementes, contribuindo para a regeneração florestal, no entanto, sua população está em declínio devido ao desmatamento de habitat e tráfico ilegal.

Essas espécies têm ocorrência no estado do Amazonas e Acre, e em outros países da América do Sul como o Peru. No Amazonas, sua distribuição concentra-se ao sul do rio Solimões e oeste do rio Juruá, também há registros que indicam sua presença em Jaraqui, na margem direita (leste) do baixo rio Juruá, e na margem oeste do rio Tefé. Foram descritas inicialmente três subespécies de *Saguinus mystax*, sendo elas: *Saguinus mystax mystax*, *Saguinus mystax pileatus* e *Saguinus mystax pluto* (Figura 61).

Figura 61: Espécies de sagui-de-bigode: (A) *Saguinus mystax*, (B) *Saguinus pileatus* e (C) Padrão de pelagem de *Saguinus mystax*



Fonte: (A) Zooinstitutes; (B) Biodiversity4all; (C) Lopes *et al.* (2023)¹⁹

Estudos recentes, com base em dados fenotípicos, filogenéticos e de distribuição geográfica, indicam a existência de três linhagens distintas. A primeira linhagem corresponde à antiga subespécie *Saguinus mystax mystax*, encontrada na margem esquerda do rio Juruá. Com base em evidências, a subespécie foi elevada ao status de espécie plena, sendo denominada *Saguinus mystax*. A segunda linhagem corresponde às subespécies *S. m. pileatus* e *S. m. pluto*, que foram reconhecidas como pertencentes a uma única espécie, sob uma nova combinação nomenclatural, denominada *Saguinus pileatus*, por questões fenotípicas e distribuição geográfica, foram mantidas as designações como subespécies, sendo estas: *Saguinus pileatus pileatus* e *Saguinus pileatus pluto*. A terceira linhagem designada corresponde a uma nova espécie que se situa na região entre os rios Tefé e Juruá, e foi denominada como *Saguinus kulina*.

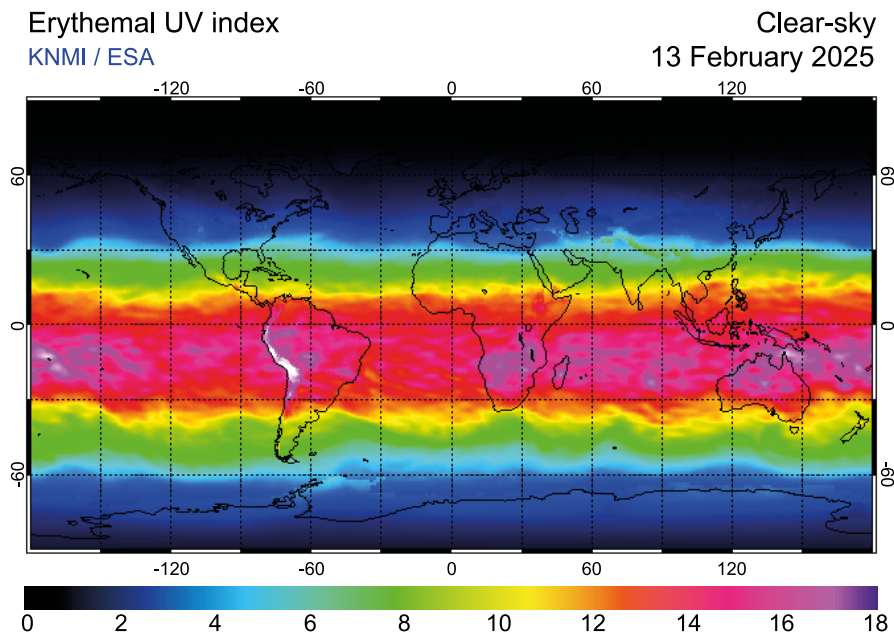
¹⁹ Disponível em: (A) <https://app.zooinstitutes.com/animals/moustached-tamarin-zoologicka-zahrada-praha-19717.html>; (B) <https://www.biodiversity4all.org/taxa/1568140-Saguinus-pileatus>. Acesso em: 5 fev. 2025.

O processo de especiação dos primatas do gênero *Saguinus* na região foi impulsionada por barreiras geográficas, como os rios Tefé e Juruá, que isolaram as populações de saguis, limitando o fluxo gênico entre elas. Esse isolamento geográfico desencadeou diferenças genéticas e fenotípicas, como coloração e padrão das pelagens, entre as populações levando à distinção entre as espécies. Portanto, os saguis-de-bigode estão passando por um claro processo de **especiação alopátrica**.

Cor da pele (Lima, 2020)

A cor da pele é determinada pela melanina, um pigmento que é produzido pelos melanócitos. Existem dois tipos principais de melanina: a eumelanina, predominante em pessoas de pele escura, e a feomelanina, mais comum em pessoas de pele clara. A melanina tem como principal função proteger a pele contra a radiação UV, o que explica a variação da cor da pele ao longo da evolução. Em regiões tropicais, como a região amazônica, a radiação UV pode danificar o material genético e a melanina atua como proteção natural, por isso há a prevalência de pele de cor mais escura. Já em latitudes mais altas, onde a exposição solar é menor, a pele clara surgiu como uma adaptação para facilitar a produção de vitamina D, necessária para a absorção de cálcio e fortalecimento dos ossos (Figura 62). Os primeiros humanos modernos, originários da África, tinham pele escura, mas mutações genéticas levaram ao surgimento de tons mais claros à medida que migraram para outras regiões. Sendo assim, as diferentes tonalidades de pele surgiram em decorrência da ação da **seleção natural**.

Figura 62: Índice de radiação ultravioleta no mundo. Valores referentes ao mês de fevereiro de 2025



Fonte: TuTiempo.net (2025)

Doença de Chagas em populações indígenas amazônicas (Hünemeier *et al.*, 2023)

A doença de Chagas é uma infecção causada pelo protozoário *Trypanossoma cruzi*, a transmissão ocorre através da picada do inseto *Triatoma infestans*, também conhecido como barbeiro. O barbeiro defeca próximo à picada, quando a vítima coça o local, o protozoário contido nas fezes entra no organismo através da pele e atinge a corrente sanguínea. Os sintomas que a doença causa são diversos, como, por exemplo, o aumento da pálpebra (sinal de romaña) e o aumento de órgãos como fígado, baço e coração. A doença de Chagas afeta cerca de 6 milhões de pessoas na América Latina, como também é a causa de morte nesta região. No entanto, pesquisas revelam que a doença não afeta os povos tradicionais

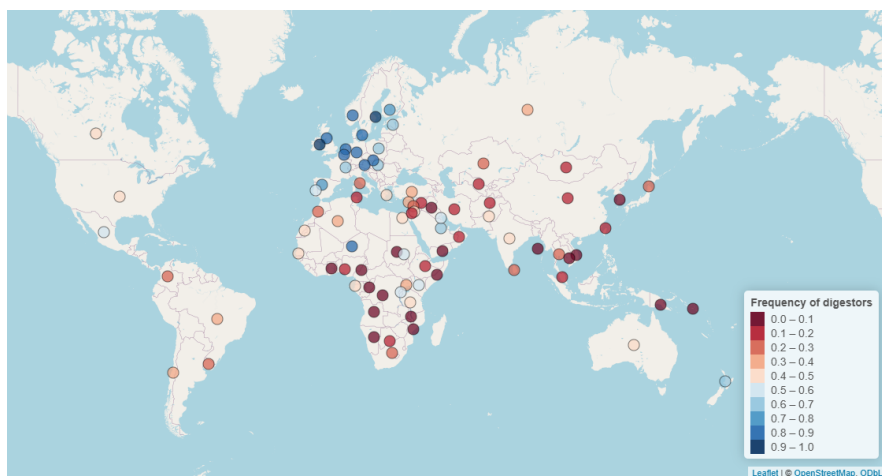
da Amazônia, bem como há a baixa incidência ou a ausência da doença de Chagas (Figura 63). Estudos genéticos apontaram mutações gênicas em populações indígenas que desencadeiam uma resposta imune à infecção, ou seja, agem contra a doença nessas populações. As pesquisas demonstram que essa variação gênica ocorreu a cerca de 7 mil anos, quando a doença afetava os povos amazônicos. A seleção natural começou a atuar sobre os genes que estão associados com a resposta imune contra o *T. cruzi*, aproximadamente, há 7500 anos atrás, um período em que a doença de Chagas provavelmente já estava causando muitas vítimas na América do Sul. E o mais notável: apesar da doença de Chagas ser endêmica no Brasil, casos são relativamente raros nos povos que vivem na Amazônia e, ainda, os barbeiros transmissores são muito comuns onde esses povos vivem. Sendo assim, este é um caso de **seleção natural** que age contra o patógeno da doença.

Intolerância à lactose (Sukow; Beltrame, 2023)

164

O fenótipo PL, considerado um fenótipo que sofreu mutação, pois se difere do fenótipo ancestral (não persistente à lactose – NPL), surgiu em populações pastoralistas da África, Europa e Oriente Médio. Este fenótipo está presente em populações espalhadas pelo mundo, derivadas a partir das populações ancestrais, o que explica porque em alguns países a intolerância à lactose é mais comum do que em outros. No Brasil, a ancestralidade é diversa, por isso a distribuição dos fenótipos PL e NPL varia bastante de acordo com a população, sendo o fenótipo PL mais frequentemente em euro-brasileiros do que em afro-brasileiros e povos tradicionais (Figura 65). O fenótipo PL possui vantagem em relação ao fenótipo NPL, já que o consumo do leite traz benefícios no consumo do nutriente e a intolerância desencadeia sintomas adversos como náuseas, diarreia e constipação. Em decorrência disso, o fenótipo PL aumentou ao longo das gerações, sendo este selecionado positivamente através da **seleção natural**.

Figura 64: Mapa da distribuição fenotípica de PL



Fonte: Anguita-Ruiz *et al.* (2020)²⁰

²⁰ Interactive World Maps of Lactase Persistence. Disponível em: <https://coblabugr.shinyapps.io/lactasepersistence/>. Acesso em: 14 out. 2025.

The background is a detailed botanical illustration. It features several large, green, serrated leaves. A monarch butterfly with orange and black wings is perched on one of the leaves. To the right, there are yellow flowers with prominent stamens. The entire scene is set against a light cream background.

Vamos aprender evolução jogando

Propostas de jogos para diferentes níveis de ensino

Neste capítulo, o leitor será apresentado a **cinco propostas de jogos** originais e interativos, criados para facilitar o ensino de Ciências e Biologia de maneira criativa e leve. Esses jogos foram desenvolvidos com o objetivo de tornar os conceitos da **evolução**, como **seleção natural**, **especiação** e **adaptação**, mais acessíveis e estimulantes para os estudantes, oferecendo uma abordagem lúdica que promove um aprendizado significativo.

As atividades propostas são **flexíveis e adaptáveis**, permitindo sua aplicação em diferentes níveis de ensino, desde a educação básica até etapas mais avançadas. Dessa forma, atendem às diversas demandas pedagógicas, oferecendo aos professores ferramentas versáteis para enriquecer suas aulas. Além disso, os jogos promovem a participação ativa dos alunos, transformando a sala de aula em um espaço mais dinâmico, engajado e criativo.

Os principais objetivos do capítulo incluem:

- **Oferecer ferramentas lúdicas e práticas** para auxiliar professores no ensino de conceitos essenciais da evolução biológica;
- Mostrar como os **jogos podem ser adaptados** para diferentes níveis de ensino e atender aos variados perfis de estudantes;
- **Incentivar práticas pedagógicas inovadoras**, que fomentem o envolvimento e a interação em sala de aula, estimulando o interesse pelos conteúdos de Ciências e Biologia;
- **Ampliar o repertório de estratégias didáticas**, apresentando formas contextualizadas e divertidas de ensinar conteúdos científicos.

Neste espaço colocamos cinco jogos originais e dinâmicos para que o professor possa fazer uso nas suas aulas de Ciências e Biologia. Eles são completamente adaptáveis e podem ser utilizados em diversos níveis de ensino. Vamos jogar?

JOGO: O caça-palavras evolutivo



E	A	A	E	T	O	R	D	I	S	R	U	P	T	I	V	A	A
P	R	E	H	U	R	D	N	S	F	H	A	N	W	O	R	L	H
H	A	H	R	T	O	H	T	C	R	O	E	T	Y	T	W	I	F
I	U	U	W	F	E	N	S	O	I	O	A	C	E	T	V	R	E
H	R	Y	R	P	D	I	R	E	C	I	O	N	A	L	I	E	G
F	H	V	A	R	I	A	B	I	L	I	D	A	D	E	T	I	O
I	A	N	N	U	C	E	S	S	T	E	F	H	F	N	R	M	R
I	F	A	U	I	Y	E	V	O	L	U	Ç	Ã	O	H	S	A	E
H	D	T	A	E	P	E	E	E	I	E	C	Ã	F	D	K	P	I
L	D	E	S	T	A	B	I	L	I	Z	A	D	O	R	A	T	S
R	A	A	E	A	E	D	V	A	A	M	A	Y	V	H	A	D	T
N	O	E	O	Y	O	N	R	S	O	E	O	M	E	F	M	L	E

Complete os espaços em branco com as palavras encontradas no caça-palavras.

- a) A _____ é um fenômeno no qual o meio ambiente atua como selecionador de características que permite que os organismos sejam mais aptos para sobreviver em determinado local.
- b) _____ é o tipo de seleção que atua contra duas características extremas e favorece as características intermediárias.
- c) _____ é o tipo de seleção que favorece um dos extremos.
- d) _____ é o tipo de seleção que atua contra duas características extremas e favorece as características intermediárias.
- e) A _____ consiste em diferentes formas de uma característica em indivíduos de uma mesma espécie.
- f) A _____ é o processo de mudanças e adaptações que ocorrem nos seres vivos ao longo do tempo, permitindo sua sobrevivência e a transmissão de suas características para os descendentes.

JOGO: Quem sabe, sabe!



Jogo Quem sabe, sabe!



A - Fluxo gênico

B - Seleção natural

C - Mutação

D - Deriva genética

E - Epigenética

Imagine uma população de roedores que viviam em um ambiente de floresta e migram para as montanhas geladas, aonde se estabeleceram. Eles apresentam cor totalmente cinzenta na pelagem. Muitos anos depois, alguns roedores dessa população apresentavam cor clara. E depois de décadas, toda a população apresentava a cor clara. O que você acha que aconteceu com esta população?



Jogo Quem sabe, sabe!



A - Especiação simpátrica

B - Especiação parapátrica

C - Hibridização

D - Anagênese

E - Especiação alopátrica

Uma população de roedores habita certa localidade próximo a um córrego raso. Devido a uma grande enchente, o córrego acabou se tornando profundo demais de forma que separou as populações por completo. Depois de vários anos observou-se que as duas populações possuíam características diferentes e foi testado que indivíduos das duas populações não mais reproduziam entre si. Qual processo evolutivo ocorreu com essa espécie?





Jogo Quem sabe, sabe!



A - Fluxo gênico

B - Seleção natural

C - Mutação

D - Deriva genética

E - Epigenética

Imagine uma população de borboletas que viviam em um ambiente de floresta, mas que um certo dia, uma grande queimada, destruiu boa parte da área em que ela vivia. Antes da queimada, a população tinha a coloração das asas preto e dourado, com algumas pintas brancas. Após essa catástrofe, a população que restou apresentava asas douradas e pretas, sem as pintas brancas. O que você acha que ocorreu nesta população?



Jogo Quem sabe, sabe!



A - Especiação alopátrica

B - Hibridização

C - Especiação parapátrica

D - Especiação simpátrica

E - Anagênese

Uma espécie de gafanhotos de coloração verde oliva habita a mesma área e consome os mesmos recursos. Depois de alguns anos percebe-se que nesta mesma área há duas populações bem diferentes de gafanhotos: uma população que possui a coloração verde oliva e outra população de coloração verde escura, também se observa que não há cruzamento entre as duas populações. O que você acha que ocorreu com essa espécie?





Jogo Quem sabe, sabe!



A - Especiação alopátrica

B - Fluxo gênico

C - Especiação parapátrica

D - Especiação simpátrica

E - Anagênese

Espécies de tartarugas ocorrem no mesmo rio. Uma espécie possui casco preto com manchas vermelhas, a outra espécie não possui as manchas e o casco é avermelhado. Depois de anos percebe-se a presença de novos indivíduos: uma tartaruga com manchas vermelhas e casco esverdeado. Foi constatado que com o passar do tempo essas tartarugas não cruzavam entre si. O que você acha que ocorreu com essas tartarugas?



Jogo Quem sabe, sabe!



A - Especiação alopátrica

B - Hibridização

C - Especiação parapátrica

D - Especiação simpátrica

E - Anagênese

Pássaros são aves bem comuns na floresta amazônica. Numa determinada região haviam passarinhos com a coloração das penas no ventre amarelas e outra população com o ventre vermelho. Depois de anos encontrou-se um tipo intermediário de passarinho na área entre as duas populações já existentes, eles possuíam cores vermelho e amarelo na região ventral. O que você acha que ocorreu com essas populações?

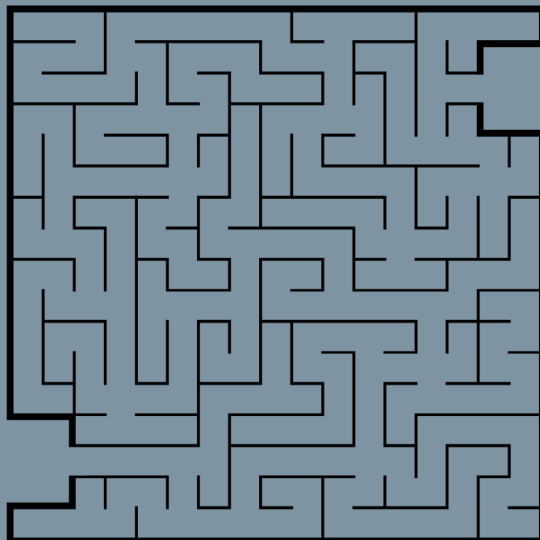


JOGO: O labirinto de Darwin e Wallace

O labirinto de Darwin

O naturalista Charles Darwin escreveu seu livro *A Origem das Espécies* baseado no que encontrou ao longo da sua viagem de 5 anos no navio HMS Beagle. Ficou conhecido por sua Teoria Evolutiva e por sua curiosidade e habilidade científica. Ele fez grandes observações pelos lugares que passou, inclusive no Brasil e nas ilhas Galápagos, localizadas no Oceano Pacífico próximo do Equador.

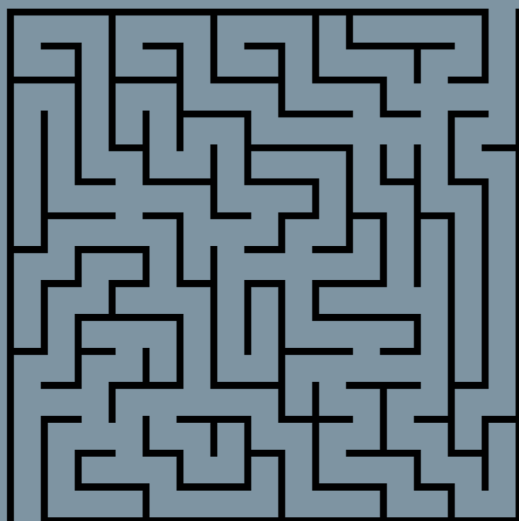
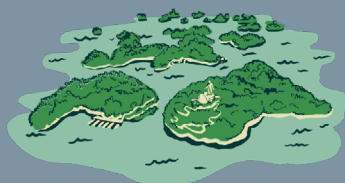
Ajude Charles Darwin a chegar ao Beagle!



O labirinto de Wallace

O naturalista Alfred Wallace estimulou Charles Darwin a finalmente publicar seu livro *A Origem das Espécies*. Ele concebeu, independentemente, a teoria da evolução por meio da Seleção Natural. Ele fez grandes trabalhos no arquipélago de Malaio e na bacia amazônica, na qual esteve. Ele é considerado o maior especialista do século XIX em distribuição geográfica dos animais, por isso, é considerado o “pai da biogeografia”.

Ajude Wallace a chegar no arquipélago de Malaio!



JOGO: Cartas da Evolução

Objetivo: Evoluir sua espécie adquirindo adaptações e sobrevivendo a eventos ambientais. O jogador que acumular mais pontos através de adaptações e especiação vence.

Componentes do Jogo

- Cartas de Espécie: Representam as espécies dos jogadores.
- Cartas de Adaptação: Representam mutações e características adquiridas.
- Cartas de Evento: Incluem seleção natural, mudanças ambientais, catástrofes etc.
- Cartas de Ambiente: Representam diferentes habitats (floresta, deserto, oceano, montanha).

Preparação do Jogo

- Distribua uma carta de espécie básica para cada jogador.
- Embaralhe as cartas de adaptação e coloque-as em um monte virado para baixo.
- Embaralhe as cartas de evento e coloque-as em um monte virado para baixo.
- Embaralhe as cartas de ambiente e coloque-as em um monte virado para baixo.
- Cada jogador começa com 3 cartas de adaptação na mão.

Regras do Jogo

Turno do jogador:

- Sorteio de Carta de Evento: O jogador sorteia uma carta de evento e segue as instruções;
- Ação de Evolução: O jogador pode escolher uma das seguintes ações:

1. Adquirir adaptação: Compra uma carta de adaptação do monte e adiciona à sua espécie;
2. Trocar adaptação: Troca uma carta de adaptação da mão com uma do monte;
3. Mover para novo ambiente: Sorteia uma carta de ambiente e move sua espécie para o novo habitat.
4. Desafio Ambiental: O jogador enfrenta um desafio ambiental (descrito nas cartas de evento) e verifica se sua espécie está adaptada para sobreviver.

Especiação

Condições para especiação: Quando uma espécie acumula 5 ou mais adaptações, o jogador pode optar por dividir essa espécie em duas linhagens distintas.

Processo de Especiação

- O jogador escolhe 2 ou 3 adaptações da espécie original para formar a nova espécie.
- A espécie original mantém as adaptações restantes.
- O jogador recebe uma nova carta de espécie para representar a nova linhagem.

Pontuação

Cada adaptação: 1 ponto

Especiação: 3 pontos adicionais por cada nova espécie criada

Observações:

Caso a espécie não possua adaptações favoráveis ao evento ou ambiente, ele perde uma adaptação.

Para cada adaptação desfavorável ao ambiente, o jogador deve rolar o dado e perde um número do dado como chance de sobrevivência a um evento (Exemplo: Descrição: Sua espécie está competindo por recursos. Role o dado para ver se sua espécie sobrevive. Se a espécie possui uma adaptação desfavorável, role o dado. Se o resultado for 2, 3, 4, 5 ou 6, a espécie sobrevive. Se o resultado for 1 a espécie perde uma adaptação).

Cartas de Adaptação

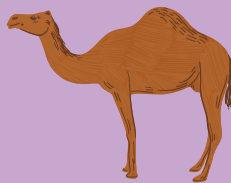
Carta de adaptação **Camuflagem**

- *Descrição:* Sua espécie desenvolveu camuflagem.
+1 ponto de adaptação.
- *Efeito:* Aumenta a capacidade de evitar predadores.



Carta de adaptação **Resistência ao calor**

- *Descrição:* Sua espécie pode sobreviver em climas quentes.
+1 ponto de adaptação.
- *Efeito:* Permite a sobrevivência em ambientes desérticos.



Carta de adaptação **Migração**

- *Descrição:* Sua espécie desenvolveu comportamento migratório.
+1 ponto de adaptação.
- *Efeito:* Permite a movimentação sazonal para ambientes mais favoráveis.



Carta de adaptação **Construção de abrigo**

- *Descrição:* Sua espécie desenvolveu a habilidade de construir abrigos.
+1 ponto de adaptação.
- *Efeito:* Aumenta a proteção contra predadores e condições climáticas.



Carta de adaptação **Natação**

- *Descrição:* Sua espécie pode nadar.
+1 ponto de adaptação.
- *Efeito:* Permite a sobrevivência em ambientes aquáticos.



Carta de adaptação **Armazenamento de água**

- *Descrição:* Sua espécie pode armazenar água.
+1 ponto de adaptação.
- *Efeito:* Permite a sobrevivência em ambientes áridos.



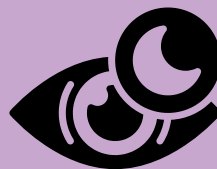
Carta de adaptação **Resistência ao frio**

- *Descrição:* Sua espécie pode sobreviver em climas frios.
+1 ponto de adaptação.
- *Efeito:* Permite a sobrevivência em ambientes montanhosos.



Carta de adaptação **Visão noturna**

- *Descrição:* Sua espécie desenvolveu visão noturna.
+1 ponto de adaptação.
- *Efeito:* Permite a atividade noturna e evita predadores.



Carta de adaptação

Garras afiadas

- *Descrição: Sua espécie desenvolveu garras afiadas.*
+1 ponto de adaptação.
- *Efeito: Aumenta capacidade de caça e defesa.*



Carta de adaptação

Pele espessa

- *Descrição: Sua espécie desenvolveu pele espessa.*
+1 ponto de adaptação.
- *Efeito: Aumenta a resistência a ferimentos e condições climáticas adversas*



Carta de adaptação

Comportamento social

- *Descrição: Sua espécie desenvolveu comportamento social.*
+1 ponto de adaptação.
- *Efeito: Aumenta cooperação e defesa em grupo*



Carta de adaptação

Hibernação

- *Descrição: Sua espécie desenvolveu a capacidade de hibernar.*
+1 ponto de adaptação.
- *Efeito: Permite a sobrevivência durante períodos de escassez.*





Carta de evento **Competição**

- **Descrição:** Sua espécie está competindo por recursos. Role o dado para ver se sua espécie sobrevive.
- **Efeito:** Role o dado. Se o resultado for 4, 5 ou 6, a espécie sobrevive. Caso contrário, perde uma adaptação.



Carta de evento **Migração forçada**

- **Descrição:** Seu ambiente se tornou inóspito. Mova sua espécie para um novo ambiente.
- **Efeito:** O jogador deve mover sua espécie para um novo ambiente.



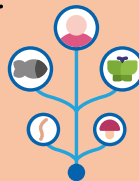
Carta de evento **Seleção Natural**

- **Descrição:** Um predador apareceu no ambiente. Mova sua espécie para um ambiente seguro.
- **Efeito:** O jogador deve mover sua espécie para um novo ambiente.



Carta de evento **Especiação**

- **Descrição:** Sua espécie está pronta para se dividir. Escolha duas adaptações e crie uma nova espécie.
- **Efeito:** O jogador divide sua espécie em duas, criando uma nova linhagem.





Carta de evento

Mutação

- **Descrição:** Sua espécie desenvolveu uma nova característica. Compre uma carta de adaptação.
- **Efeito:** Adiciona uma nova adaptação à espécie.



Carta de evento

Parasitismo

- **Descrição:** Sua espécie foi infectada por parasitas. Role o dado para ver se sua espécie sobrevive.
- **Efeito:** Role o dado. Se o resultado for 4, ou 6, a espécie sobrevive. Caso contrário, perde uma adaptação.



Carta de evento

Catástrofe natural

- **Descrição:** Um desastre natural ocorreu. Todas as espécies perdem um marcador de adaptação.
- **Efeito:** Todas as espécies no jogo perdem uma adaptação.



Carta de evento

Mudança ambiental

- **Descrição:** O clima do ambiente mudou drasticamente. Role o dado para ver se sua espécie sobrevive.
- **Efeito:** Role o dado. Se o resultado for 4, 5 ou 6, a espécie sobrevive. Caso contrário, perde uma adaptação.



Carta de ambiente

Montanha

- **Descrição:** Ambiente com temperaturas baixas e terreno acidentado.
- **Adaptações Favoráveis:** Resistência ao Frio, Pele Espessa, Migração



Carta de ambiente

Floresta

- **Descrição:** Ambiente com alta umidade e vegetação densa.
- **Adaptações Favoráveis:** Camuflagem, Construção de Abrigos, Comportamento Social



Carta de ambiente

Savana

- **Descrição:** Ambiente com vegetação esparsa e clima sazonal.
- **Adaptações Favoráveis:** Resistência ao Calor, Comportamento Social, Migração



Carta de ambiente

Oceano

- **Descrição:** Ambiente aquático com alta salinidade.
- **Adaptações Favoráveis:** Nataç o, Vis o Noturna



Carta de ambiente

Deserto

- **Descrição:** Ambiente com temperaturas extremas e pouca água.
- **Adaptações Favoráveis:** Resistência ao Calor, Armazenamento de Água, Hibernação



Carta de ambiente

Pântano

- **Descrição:** Ambiente com alta umidade e solo alagadiço.
- **Adaptações Favoráveis:** Natação, Camuflagem, Construção de Abrigos



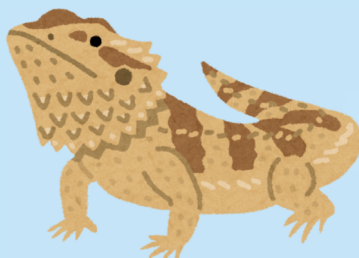
Ordem animal

Anfíbio



Ordem animal

Réptil





Ordem animal
Mamífero



Ordem animal
Ave



JOGO: Sobreviva, Morra ou Evolua

Objetivo: Os jogadores devem levar sua espécie até o final do tabuleiro, passando por desafios evolutivos e coletando adaptações para sobreviver.

Materiais:

- Tabuleiro com trilha (com casas numeradas de 1 a 20);
- Peões (um para cada jogador, representando espécies diferentes);
- Cartas de Adaptação (4 unidades de cada);
- Cartas de Desafio (4 unidades de cada);
- Cartas Stop (4 unidades de cada);
- Dado (para movimentação).

Regras do jogo

Os jogadores jogam o dado e avançam no tabuleiro.

Cada casa tem uma carta correspondente, que pode ser de:

Adaptação: Compra uma Carta de Adaptação (azul);

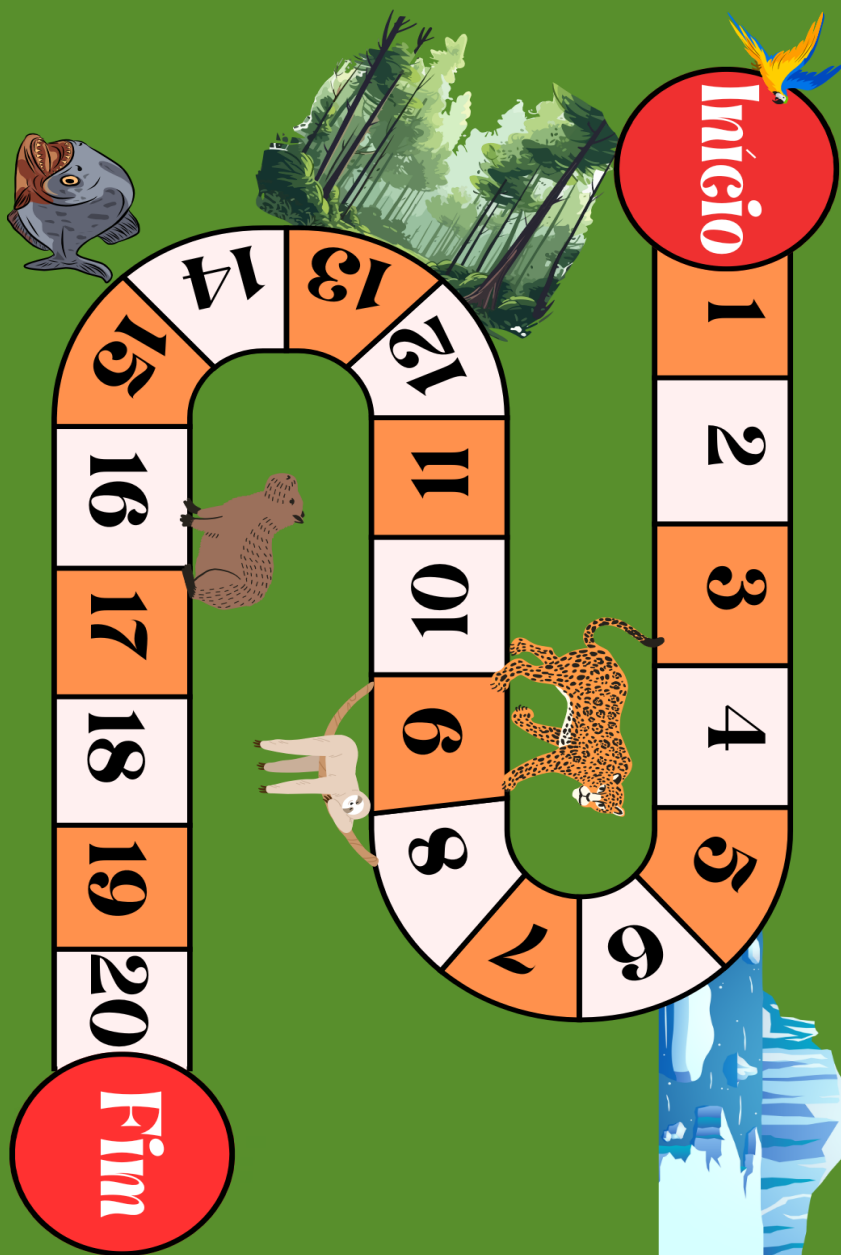
Desafio: Compra uma Carta de Desafio e segue as instruções (amarelo);

Stop: Carta de segurança (vermelho).

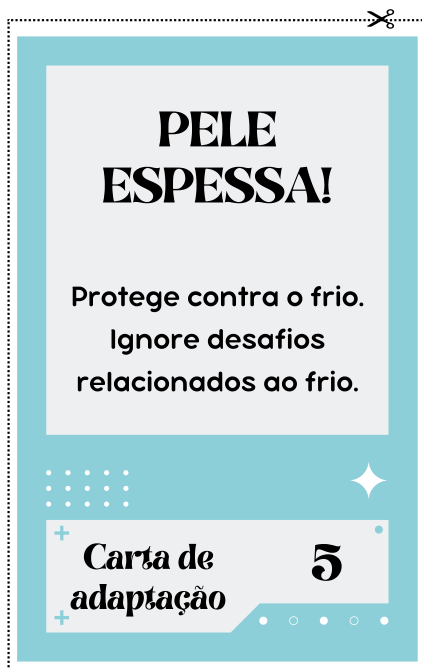
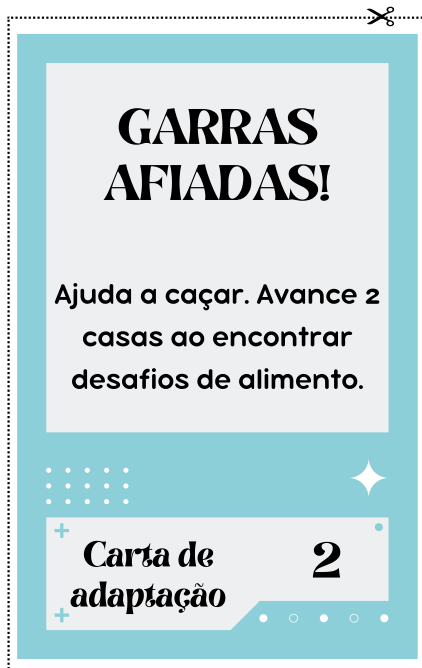
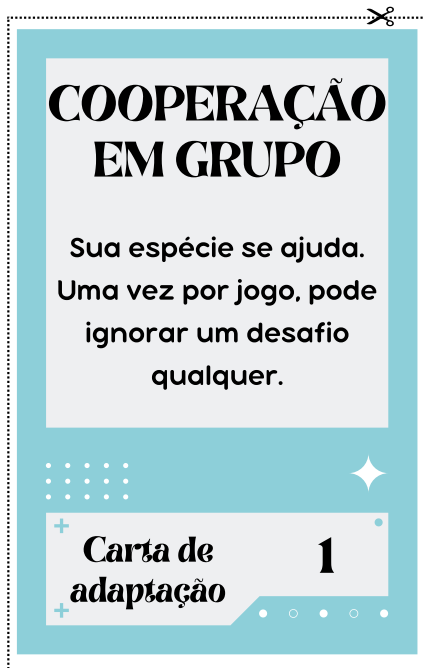
Algumas adaptações ajudam a superar desafios. Se o jogador já tiver a adaptação necessária, ele não sofrerá penalidade. Se o jogador pegar a carta stop, ele estará seguro.

O primeiro a chegar ao final do tabuleiro vence!

Sobreviva, Morra ou Evolua



Cartas do jogo





VENENO

Assusta predadores e presas. Avance 1 casa sempre que enfrentar um predador.

Carta de adaptação 6



CAPACIDADE DE ESCALAR

Pode fugir para lugares altos. Ignore desafios de terrenos perigosos.

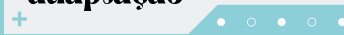
Carta de adaptação 7



VELOCIDADE AUMENTADA

Permite fugir de ameaças. Se um desafio te mandar voltar, reduza a penalidade pela metade.

Carta de adaptação 8



VISÃO AGUÇADA!

Permite detectar predadores. Avance 2 casas ao encontrar um desafio de predador.

Carta de adaptação 9



CAPACIDADE DE HIBERNAR

Pode sobreviver a invernos rigorosos.

Ignore desafios relacionados ao frio ou falta de comida.

+ Carta de adaptação **12**

CAMUFLAGEM!

Permite se esconder.

Ignore desafios de predadores.

+ Carta de adaptação **14**

RESISTÊNCIA À SECA

Permite sobreviver com pouca água. Ignore desafios de escassez de água.

+ Carta de adaptação **15**

ERUPÇÃO VULCÂNICA

Todos os jogadores voltam 2 casas, a menos que tenham Capacidade de escalar para fugir

+ Carta de desafio **10**

**FOME
EXTREMA**

Se não tiver Garras
afiadas ou Cooperação
em grupo, volte 2 casas.

**Carta de
desafio 11**

**TERRENO
PERIGOSO**

Se não tiver
Capacidade de escalar,
fique parado 1 rodada

**Carta de
desafio 13**

**SECA
PROLONGADA**

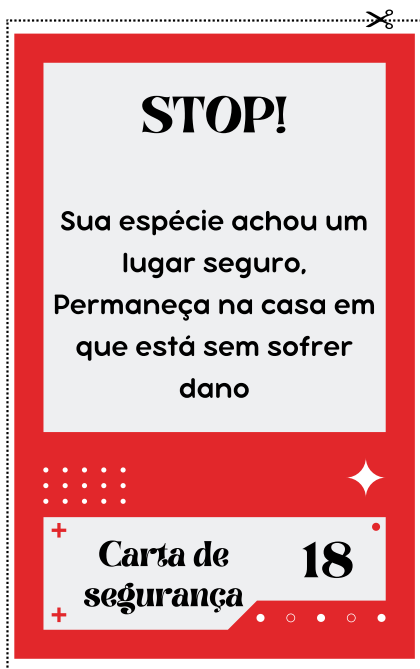
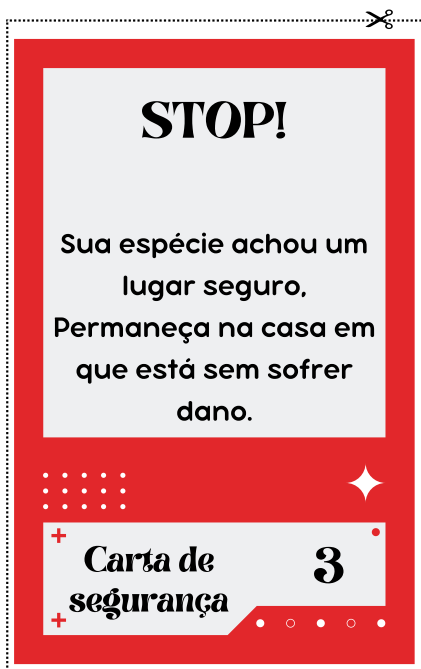
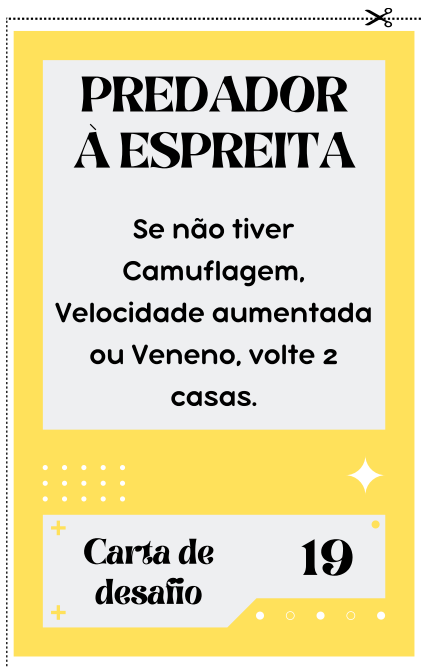
Se não tiver Resistência
à seca, volte 2 casas.

**Carta de
desafio 16**

**ONDA DE
FRIO**

Se não tiver Pele
espessa ou Capacidade
de hibernar, volte 2
casas.

**Carta de
desafio 17**



Continuaremos a evoluir

No capítulo **Continuaremos a evoluir**, o leitor será levado a refletir sobre a profunda conexão entre **evolução biológica e genética**, dois pilares essenciais das Ciências Biológicas. O texto faz um panorama das principais teorias evolutivas, desde as contribuições iniciais de **Lamarck**, **Darwin** e **Mendel**, até as abordagens contemporâneas, destacando como essas ideias foram moldadas ao longo do tempo. Além disso, são discutidos os desafios enfrentados por professores ao abordar esses conteúdos em sala de aula, como crenças pessoais, dificuldades na formação inicial e a carência de materiais didáticos atualizados.

Uma das ideias centrais deste capítulo é a valorização da **Amazônia** como um recurso pedagógico riquíssimo, integrando conteúdos científicos à realidade local dos alunos. Essa abordagem busca promover um ensino mais significativo, inclusivo e contextualizado, conectando os estudos sobre genética e evolução ao extraordinário patrimônio natural da região.

Os objetivos principais deste capítulo incluem:

- **Discutir fundamentos essenciais de genética e evolução**, conectando as bases teóricas à prática docente e ao cotidiano escolar;
- **Identificar e abordar os desafios no ensino desses temas**, sugerindo estratégias criativas e inovadoras que facilitem a aplicação em sala de aula;
- **Valorizar o contexto amazônico** como uma ferramenta pedagógica diferenciada, promovendo um ensino mais acessível, próximo e adaptado à realidade dos estudantes.

As palavras evolução e genética são comumente utilizadas no cotidiano das pessoas. No entanto, nesta obra abordamos especificamente sobre evolução biológica e sua intrínseca relação com a genética, que são cruciais para compreender os mecanismos moleculares que proporcionam diversidade tanto entre as populações de uma espécie como entre os indivíduos de uma população. Entender a Biologia precisa necessariamente entender a definição e os processos evolutivos, conhecer suas principais teorias e teóricos, além de compreender o tempo evolutivo e suas consequências para a biosfera do planeta. A compreensão correta por parte dos professores acerca dos principais mecanismos genéticos e evolutivos é fundamental para elucidar as questões que surgem no âmbito escolar.

Jean-Baptiste Lamarck, Charles Darwin, Alfred Wallace, Gregor Mendel, Thomas Morgan, Ernst Mayr, Theodosius Dobzhansky são alguns dos cientistas que nos trouxeram luz ao ensino da genética e da evolução com a sua insistência científica, e isso não significa dizer que foram os únicos, alguns vieram antes de Lamarck e outros depois de Darwin. No entanto, sabe-se que apesar dos esforços desses grandes nomes, muitas lacunas do conhecimento precisam ainda ser preenchidas. As informações teóricas e práticas trazidas pelo Lamarckismo, Darwinismo, Neodarwinismo e pela mais recente, Síntese Estendida da Evolução, ainda precisam de pessoas que sejam curiosamente revolucionárias na ciência da vida.

Diversos estudos têm nos mostrado que o dia a dia do professor é permeado por dúvidas e desafios. Os maiores obstáculos consistem no próprio processo formativo do professor da área biológica, as suas crenças religiosas e, sobretudo, os recursos didáticos ultrapassados e inapropriados. Portanto, muitas vezes, cabe ao professor se reinventar e ressignificar os seus conhecimentos para levar aos seus alunos o entendimento necessário para uma aprendizagem significativa. Muitas vezes, isso não é refletido e

nem discutido nas escolas e universidades, o que consiste em uma enorme fonte de preocupação, já que estamos falando do eixo unificador das Ciências Biológicas.

Temos, então, um desafio ainda maior em pleno século XXI, que é ultrapassar essas barreiras teóricas e práticas em todos os níveis de ensino. Desse modo, esta obra tem a pretensão de contribuir, minimamente, com o professor de Ciências e Biologia, trazendo conhecimentos básicos de Genética e Evolução, bem como apresentando um conjunto de informações de várias obras complementadas pelas próprias experiências docentes. Além disso, o brilho dessa pesquisa são os achados em literatura especializada, que nos trazem exemplos amazônicos, como uma forma de decolonizar o ensino da Genética e da Biologia Evolutiva e de proporcionar uma nova e contextualizada experiência para o professor e para o aluno em sala de aula.

Essa proposta de decolonizar o ensino de Ciências e Biologia surgiu a partir das observações durante o percurso da vida docente e das análises dos livros didáticos, que são a base para refletir sobre as possíveis melhorias no cotidiano de professores e alunos. A Amazônia é um laboratório vivo e amplo que os professores devem fazer uso, especialmente quando se trata das ciências da natureza. Portanto, as aulas práticas são fundamentais, mas, além disso, o uso de materiais didáticos que aproximem o conteúdo teórico a elementos do ambiente amazônico, que fazem parte do cotidiano do aluno, tem um potencial ainda mais significativo. Assim, se torna imperioso que o professor se preocupe em ensinar Genética e Evolução de maneira atrativa, inovadora e, principalmente, contextualizada. Espera-se que este livro sirva de apoio a todos os professores que, como nós, seguem com a necessidade de aperfeiçoar nossa forma de ensinar em áreas nas quais a literatura especializada nos traz exemplos mais do norte global.

Falar de Genética e Evolução não é uma tarefa fácil, propor novas abordagens também não é, mas, como tudo evolui, o professor de Ciências e Biologia também precisa evoluir...

Propostas para avaliação da aprendizagem



Avaliação da aprendizagem de Genética

Sugestão de questões de múltipla escolha para avaliação dos conceitos fundamentais:

Questão 1: Qual das opções abaixo melhor descreve a relação entre genótipo e fenótipo em um organismo?

- a) O genótipo é a característica observável, enquanto o fenótipo é a composição genética.
- b) O fenótipo é a composição genética, e o genótipo é a expressão dessa composição.
- c) O genótipo é a composição genética de um organismo, e o fenótipo é a expressão observável ou mensurável dessa composição, frequentemente moldada pela interação com o ambiente.
- d) Genótipo e fenótipo são termos sinônimos que descrevem as características hereditárias.

Resposta Correta: C.

Fundamentação: Conforme mencionado na SEÇÃO I. VAMOS FALAR DA GENÉTICA? – Descomplicando a Genética, “O genótipo se refere à composição genética única de um organismo em relação a um conjunto específico de genes ou alelos... Este fenômeno se traduz no fenótipo, que é a expressão observável ou mensurável deste genótipo, frequentemente moldada pela interação entre os genes e o ambiente” (p. 34).

Questão 2: O processo de *crossing-over* desempenha um papel crucial na genética, contribuindo para:

- a) A redução da variabilidade genética em uma população.
- b) A formação de gametas idênticos aos das células parentais.
- c) O aumento da diversidade genética através da troca de segmentos entre cromossomos homólogos durante a meiose.
- d) A replicação exata do DNA sem introdução de novas combinações.

Resposta Correta: C.

Fundamentação: Na seção DESVENDANDO OS SEGREDOS DA HEREDITARIEDADE: COMO GENES CRIAM DIVERSIDADE E EVOLUÇÃO descreve que: “O mecanismo de *crossing-over* desempenha um papel fundamental na Genética ao aumentar a diversidade genética durante a meiose. Esse processo acontece na fase de prófase I, em que cromossomos homólogos se emparelham e trocam segmentos equivalentes de material genético” (p. 39).

Questão Interpretativa (Impactos da Genética):

A tecnologia CRISPR de edição genética é considerada um avanço revolucionário. Explique por que essa técnica tem um impacto tão significativo na biotecnologia moderna e na medicina, e discuta uma das implicações éticas que ela pode levantar.

Sugestão de Resposta: A tecnologia CRISPR é revolucionária devido à sua precisão e eficiência na edição do DNA. Ela permite cortar e editar segmentos específicos de DNA com precisão

sem precedentes (*SEÇÃO I. VAMOS FALAR DA GENÉTICA? – O Passado e o Presente da Genética*). Na medicina, suas aplicações são promissoras, permitindo correções de mutações causadoras de doenças genéticas e potencializando terapias inovadoras contra o câncer.

Uma das implicações éticas que a CRISPR levanta é a discussão sobre os limites da modificação genética. Isso inclui questões sobre o uso da tecnologia para aprimoramento humano (não apenas tratamento de doenças), a possibilidade de criar bebês geneticamente modificados, e as consequências imprevistas de alterar o genoma humano para as futuras gerações. É crucial refletir sobre questões de privacidade em genética e as implicações éticas e evolutivas.

Avaliação da aprendizagem de evolução

O professor pode realizar uma roda de conversa sobre temas importantes relacionados à Biologia Evolutiva, tais como:

- Equívocos evolutivos

Qual das alternativas abaixo representa um equívoco comum sobre o processo evolutivo?

- a) Os organismos podem evoluir ao acaso, sem qualquer influência do ambiente.
- b) A evolução ocorre porque os indivíduos têm vontade de mudar.
- c) A seleção natural favorece características vantajosas para a sobrevivência e reprodução.
- d) A diversidade genética é essencial para a evolução.

Resposta Correta: B.

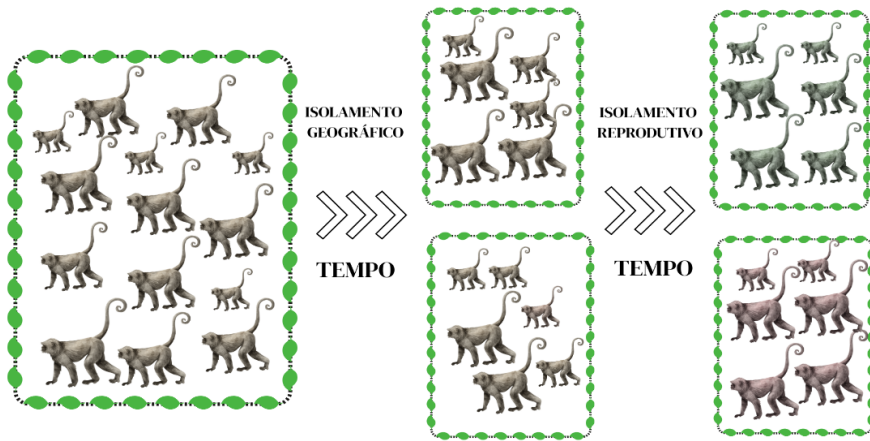
- Seleção Natural

A seleção natural pode levar à:

- a) Extinção de espécies mal adaptadas
- b) Criação de novas espécies
- c) Manutenção de características vantajosas
- d) Todas as anteriores

Resposta Correta: D.

- Especiação



Durante o processo ilustrado, duas populações de uma mesma espécie foram separadas por uma barreira geográfica. Com o tempo, passaram a apresentar diferenças genéticas, morfológicas e comportamentais, tornando-se incapazes de cruzar entre si. Esse fenômeno é um exemplo de:

- a) Especiação simpátrica
- b) Especiação por mutação induzida
- c) Especiação alopátrica
- d) Seleção artificial

Resposta Correta: C.

Questões Interpretativas:

Questão 1: Algumas pessoas acreditam que os seres vivos evoluem porque “precisam” se adaptar ao ambiente, como se a evolução fosse intencional. Com base nos conhecimentos sobre evolução biológica, explique por que essa ideia está equivocada e qual é o papel da seleção natural nesse processo.

Questão 2: Por que em pleno século XXI ainda são utilizados nos livros didáticos brasileiros os exemplos dos tentilhões e das mariposas de Manchester para explicar o processo de seleção natural? Discuta os motivos entre os colegas da turma.

A partir das questões apresentadas e debatidas em rodas de conversa, o professor pode iniciar um processo de autoavaliação da sua prática docente e de avaliação da aprendizagem dos seus alunos.

The background of the page is a detailed botanical illustration. It features several large, green, serrated leaves. In the bottom left corner, there is a monarch butterfly with orange and black wings. In the bottom right corner, there are yellow flowers with prominent stamens and pistils. The central text is enclosed in an orange rectangular box with a double border.

Guia de uso para o professor

Roteiro da seção de Genética

1. Divisão do conteúdo nas aulas

O professor pode iniciar o assunto Genética com sua história e conceitos fundamentais. Explorar, primeiramente, os estudos de Gregor Mendel e a descoberta do DNA e da Teoria Cromossômica da Hereditariedade. Em seguida, focar nos mecanismos de diversidade genética e evolução: segregação independente, *crossing-over* e mutações genéticas. Explicar como esses processos são cruciais para a geração de diversidade e Evolução Biológica, enriquecendo o *pool* genético e garantindo a adaptação contínua e diversificação das espécies. Por fim, abordar as aplicações práticas da genética na medicina e agricultura. O professor deve estimular uma reflexão crítica sobre os impactos éticos e sociais das tecnologias genéticas, como CRISPR, e conectar tudo à realidade nacional, usando exemplos da Genética Brasileira na Sala de Aula e projetos como Genomas Raros e DNA do Brasil para ligar o conhecimento acadêmico à realidade do país.

2. Atividades para o ensino fundamental

Para as turmas de Ciências, recomendam-se atividades que tornem os conceitos de genética mais palpáveis e visuais, tais como a construção de modelos didáticos representacionais da molécula de DNA e dos Cromossomos.

Recomenda-se 50 minutos teóricos (para introdução de conceitos básicos) e 50 minutos de atividade prática (para as atividades de modelagem do DNA ou dos Cromossomos).

3. Atividades para o ensino médio

Para as turmas do Ensino Médio, as atividades podem ser mais aprofundadas, incluindo debates e a exploração de ferramentas digitais e pesquisas atuais. Assim, sugere-se o emprego de abordagens metodológicas distintas como:

- **Rodas de conversa e debates:** Discutir as implicações éticas e sociais da biotecnologia, como a edição genética (CRISPR), medicina personalizada e organismos geneticamente modificados.
- **Roteiros práticos e análise de casos:** Montagem do cariótipo e o diagnóstico das anomalias cromossômicas usando recortes de cromossomos e estudos de caso. Emprego de exercícios contextualizados para compreender como ocorre o fluxo da informação genética por meio da transcrição e tradução, incluindo a predição de sequências de aminoácidos.
- **Laboratórios virtuais e ferramentas digitais:** Utilizar plataformas on-line (como NCBI) para complementar o estudo sobre o genoma e genes presentes em procarioto e eucarioto.
- **Contextualização com a genética brasileira:** integrar exemplos específicos de pesquisas genéticas realizadas no Brasil, como o Projeto Genomas Raros ou o Projeto DNA do Brasil, para conectar conceitos universais à realidade nacional e estimular o interesse dos alunos por carreiras e pesquisas científicas.

Recomenda-se 50 minutos teóricos e 50 minutos de atividade prática por tópico. Para atividades de laboratório virtual ou análise de cariótipos que demandam mais tempo e discussão, como o rastreamento de mutações ou análise de cariótipos, sugere-se aproximadamente 120 minutos, podendo ser divididos em duas aulas.

Roteiro da seção de evolução

1. Divisão do conteúdo nas aulas

O professor pode iniciar os conteúdos de Evolução falando da História da Ciências, citando a origem da vida na Terra, seguido das Teorias Evolutivas, até chegar nos mecanismos que são a mola propulsora do processo de mudança nas espécies. Pontuar nesta etapa os equívocos evolutivos comuns no ensino da Evolução e finalizar com os exemplos regionais (amazônicos) para explicar o processo evolutivo.

2. Atividades para o ensino fundamental

Para desenvolver os conteúdos acima recomenda-se para as turmas de Ciências (Ensino Fundamental) as seguintes atividades: aulas teóricas expositivas, *desenvolvimento e aplicação de jogos didáticos* para entender os fundamentos da teoria evolutiva. Construção de *mapas conceituais* para entender o processo histórico da Evolução. *Produção de maquetes* para o entendimento das principais descobertas da origem da vida.

Recomenda-se 50 minutos teóricos e 50 minutos de atividade prática.

3. Atividades para o ensino médio

Nas atividades teóricas e práticas do ensino médio recomenda-se *rodas de conversas* para debates sobre os conteúdos evolutivos, *construção de jogos didáticos*, uso de vídeos seguido de debates reflexivos e excursões em espaços não formais para observações de campo das espécies da região.

Recomenda-se 50 minutos teóricos e 50 minutos de atividade prática. Em aulas de campo, aconselha-se dois tempos de aula no mínimo.

Referências

- ALBERTS, B. *et al.* *Biologia Molecular da Célula*. 6. ed. Porto Alegre: Artmed, 2017.
- ALEIXO, A. Historical diversification of a terra-firme forest bird superspecies: a phylogeographic perspective on the role of different hypotheses of Amazonian diversification. *Evolution*, v. 58, n. 6, p. 1303-1317, 2004. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.0014-3820.2004.tb01709.x>. Disponível em: <https://academic.oup.com/evolut/article-abstract/58/6/1303/6756196>. Acesso em: 9 fev. 2025.
- ALFARO, J. W. L. *et al.* Biogeography of squirrel monkeys (genus *Saimiri*): South-central Amazon origin and rapid pan-Amazonian diversification of a lowland primate. *Molecular phylogenetics and evolution*, v. 82, p. 436-454, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2014.09.004>. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1055790314003169?via%3Dihub>. Acesso em: 9 fev. 2025.
- ANGELONI-DUARTE, M.; ROSA, M. D.; SANTOS-ALFAYA, J. V. Análise das concepções de futuros professores de Ciências Biológicas sobre conceitos da Teoria Evolutiva. *Pro-Posições*, Campinas, v. 33, p. 1-31, 2022.
- ANGUITA-RUIZ, A. *et al.* Genetics of Lactose Intolerance: An Updated Review and Online Interactive World Maps of Phenotype and Genotype Frequencies. *Nutrients*, 12, 2689; doi:10.3390/nu12092689, 2020.
- ARAÚJO, L. A. L. *Evolução Biológica: da pesquisa ao ensino*. Porto Alegre: Editora Fi, 2017.
- ARAÚJO, L. A. L. Dimensão metacientífica das propostas de síntese do conhecimento evolutivo. *PERI*, Florianópolis, v. 12, n. 1, p. 128-142, 2020.
- ARAÚJO, L. A. L.; REIS, C. R. M. Pluralismo evolutivo e o ideal de unificação da biologia. *História, Ciências, Saúde – Manguinhos*, Rio de Janeiro, v. 28, n. 2, p. 393-411, 2021.



- BACICH, L.; MORAN, J. *Metodologias ativas para uma educação inovadora: uma abordagem teórico-prática*. Rio de Janeiro: Penso Editora, 2018.
- BADZINSKI, C.; HERMEL, E. E. S. A representação da genética e da evolução através de imagens utilizadas em livros didáticos de biologia. *Ensaio Pesquisa em Educação em Ciências*, v. 17, n. 2, p. 434-454, 2015.
- BARRERA-GUZMÁN, A. O. *et al.* Hybrid speciation leads to novel male secondary sexual ornamentation of an Amazonian bird. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, v. 115, n. 2, p. E218-E225, 2018. DOI: <https://doi.org/10.1073/pnas.1717319115>. Disponível em: <https://www.pnas.org/doi/full/10.1073/pnas.1717319115>. Acesso em: 9 fev. 2025.
- BASTIDE, H. *et al.* Genome assembly of three Amazonian Morpho butterfly species reveals Z-chromosome rearrangements between closely-related species living in sympatry. *bioRxiv*, p. 10-26, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1101/2022.10.26.513852>. Disponível em: <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2022.10.26.513852v2>. Acesso em: 9 fev. 2025.
- BIZZO, L. Pandemia da COVID-19: a evolução sob nossos olhos. *Genética na Escola*, v. 16, n. 2, p. 450-457, 2021. DOI: <https://doi.org/10.55838/1980-3540.ge.2021.402>. Disponível em: <https://geneticanaescola.com.br/revista/article/view/402>. Acesso em: 9 fev. 2025.
- BLAUTH, M. L.; SANTIN, M. H. R.; SANTOS, R. M. Uso de ferramentas online no estudo de mutações. *Genética na Escola*, São Paulo, v. 18, n. 1, p. 59–79, 2023. Disponível em: <https://www.geneticanaescola.com.br/revista/article/view/476>. Acesso em: 9 fev. 2025.
- BOCALINI, F.; SILVEIRA, L.F. Morphological variability and taxonomy of the Bluewinged Parrotlet *Forpus xanthopterygius* (Psittacidae). *Revista Brasileira de Ornitologia*, 23(1), 64-75, 2015.
- CABEDA, R. *et al.* Terapia com células CAR-T: uma nova perspectiva para o tratamento de neoplasias. *Revista Eletrônica Acervo Científico*, v.

47, p. e18279, 2024. Disponível em: <https://acervomais.com.br/index.php/cientifico/article/view/18279>. Acesso em: 9 fev. 2025.

CARMO, V. A.; BIZZO, N.; MARTINS, L. A. P. Alfred Russel Wallace e o princípio de seleção natural. *Filosofia e História da Biologia*, v. 4, p. 209-233, 2009.

CARNEIRO, J. *et al.* Evidence of cryptic speciation in South American lungfish. *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*, v. 59, n. 3, p. 760-771, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1111/jzs.12443>. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/jzs.12443>. Acesso em: 9 fev. 2025.

CARNEIRO, J. *et al.* Molecular Evidence Supports Five Lineages within Chiropotes (Pitheciidae, Platyrrhini). *Genes*, v. 14, n. 7, p. 1309, 2023. DOI: <https://doi.org/10.3390/genes14071309>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2073-4425/14/7/1309>. Acesso em: 9 fev. 2025.

CARNEIRO, L. *et al.* Biogeography and diversification of bare-eyes, an endemic Amazonian clade. *Journal of Biogeography*, v. 49, n. 6, p. 1110-1123, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1111/jbi.14370>. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/jbi.14370>. Acesso em: 16 out. 2025.

COLLI, P. L. G.; ANDRADE, M. A. B. S.; BASTOS, V. C. A Evolução como eixo integrador das Ciências Biológicas: uma unidade didática no contexto do ensino de Biologia. *ReBECeM*, v. 5, n. 1, p. 22-47, 2021.

CRONEMBERGER, Á. A. *et al.* Isolamento pós-zigótico impulsiona especiação genômica entre formigueiros *Hypocnemis* altamente crípticos da Amazônia. *Evolution*, v. 74, n. 11, p. 2512-2525, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1111/evo.14103>. Disponível em: <https://academic.oup.com/evolut/article/74/11/2512/6727229>. Acesso em: 9 fev. 2025.

DEL-RIO, G. *et al.* Displaced clines in an avian hybrid zone (Thamnophilidae: Rhegmatorhina) within an Amazonian interfluvium. *Evolution*, v. 76, n. 3, p. 455-475, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1111/evo.14377>. Disponível em: <https://academic>.



- oup.com/evolut/article/76/3/455/6728518. Acesso em: 9 fev. 2025.
- DOBZHANSKY, T. Nothing in Biology Makes Sense Except in the Light of Evolution. *The American Biology Teacher*, v. 35, n. 3, p. 125–129, 1973.
- DOUDNA, J. A.; CHARPENTIER, E. The new frontier of genome engineering with CRISPR-Cas9. *Science*, v. 346, n. 6213, p. 1258096, 2014.
- ESCOBAR, H. DNA preserva história de populações escravizadas no genoma dos brasileiros. *Jornal da USP*, São Paulo, 4 nov. 2020. Disponível em: <https://jornal.usp.br/ciencias/ciencias-biologicas/dna-preserva-historia-de-indigenas-e-escravos-no-genoma-dos-brasileiros/>. Acesso em: 16 out. 2025.
- FERNANDES, A. M. *et al.* Speciation in savanna birds in South America: The case of the Least Nighthawk *Chordeiles pusillus* (Aves: Caprimulgidae) in and out of the Amazon. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, p. 108117, 2024. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2024.108117>. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S105579032400109X?via%3Dihub>. Acesso em: 9 fev. 2025.
- FERREIRA, J.C.S.; SOUZA, L.L.; FREITAS, S.R.S. Análise crítica da abordagem da evolução biológica em livros didáticos de escolas públicas de Manaus (AM). *Aracê*, v. 7, n.12, p.1-23, 2025. Disponível em: <https://periodicos.newsciencepubl.com/arace/article/view/10862/12367>. Acesso em: 01 mar. 2026.
- FREEMAN, S.; HERRON, J. C. *Análise evolutiva*. 4. ed. Porto Alegre: Ed. Artmed. 2009.
- FREITAS, S. R. S.; SOUZA, L. L. (orgs.). *Ciência e biologia: experimentos para a sala de aula*. Manaus: Editora UEA, 2019. Disponível em: <https://ri.uea.edu.br/handle/riuea/2523>. Acesso em: 9 fev. 2025.
- FRENCH, C. M. *et al.* Speciation with introgression: phylogeography and systematics of the *Ameerega petersi* group (Dendrobatidae). *Molecular phylogenetics and evolution*, v. 138, p. 31-42, 2019.

DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2019.05.021>. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1055790319300107?via%3Dihub>. Acesso em: 9 fev. 2025.

FUTUYMA, D. J. *Biologia Evolutiva*. 3. ed. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 2009.

FUTUYMA, D. J.; KIRKPATRICK, M. *Evolution*. 4. ed. Sunderland, ENG: Sinauer Associates, 2017.

GOMES, B. C.; SANTOS, E. F. Doenças Genéticas no Brasil: Distribuição Geográfica e Estratégias de Controle. *Revista de Saúde Pública*, v. 54, n. 110, 2020.

GUIMARÃES, M. Ciência Evolução – Teoria em Movimento. *Pesquisa FAPESP*, v. 271, p. 47-51, 2018.

HERNÁNDEZ, C. *et al.* Phylogenetic relationships and evolutionary patterns of the genus *Psammolestes* Bergroth, 1911 (Hemiptera: Reduviidae: Triatominae). *BMC ecology and evolution*, v. 22, n. 1, p. 30, 2022. Disponível em: <https://doi-org.ez75.periodicos.capes.gov.br/10.1186/s12862-022-01987-x>. Acesso em: 9 fev. 2025.

HSU, P. D.; LANDER, E. S.; ZHANG, F. Development and applications of CRISPR-Cas9 for genome engineering. *Cell*, v. 157, n. 6, p. 1262-1278, 2014.

HUNTER, N. Meiotic Recombination: The Essence of Heredity. *Cold Spring Harbor Perspectives in Biology*, Cold Spring Harbor, EUA, v. 10, n. 12, p. a036485, 2018. Disponível em: <https://cshperspectives.cshlp.org/content/7/12/a016618.short>. Acesso em: 9 fev. 2025.

HÜNEMEIER, T. *et al.* Indigenous people from Amazon show genetic signatures of pathogen-driven selection. *Science Advances*, v. 9, n. 10, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1126/sciadv.abo0234>. Disponível em: <https://www.science.org/doi/10.1126/sciadv.abo0234>. Acesso em: 9 fev. 2025.



- INTERNATIONAL GENOME SEQUENCING CONSORTIUM. Initial sequencing and analysis of the human genome. *Nature*, n. 409, p. 860–921, 2001. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/35057062>. Acesso em: 9 fev. 2025.
- ISLER, M. L.; ISLER, P. R.; WHITNEY, B. M. Species limits in antbirds (Thamnophilidae): the Warbling Antbird (*Hypocnemis cantator*) complex. *The Auk*, v. 124, n. 1, p. 11–28, 2007. DOI: <https://doi.org/10.1093/auk/124.1.11>. Disponível em: <https://academic.oup.com/auk/article/124/1/11/5562741>. Acesso em: 9 fev. 2025.
- JINEK, M. *et al.* A programmable dual-RNA–guided DNA endonuclease in adaptive bacterial immunity. *Science*, v. 337, n. 6096, p. 816–821, 2012.
- KLEIN, A. L. As fronteiras da diversidade: especiação e hibridação. In: ARAÚJO, L. A. L. (org.). *Evolução Biológica: da pesquisa ao ensino*. Porto Alegre: Editora Fi, 2017. p. 147–176.
- KUTSCHERA, U. *Biologia Evolutiva*. Lisboa: Fundação Calouste Gulbenkian, 2013.
- LIMA, L. G. *et al.* A cor de pele em humanos: um caso de seleção natural e a contribuição da genética no debate sobre raças no século XXI. *Genética na Escola*, v. 15, n. 1, p. 11–17, 2020. DOI: <https://doi.org/10.55838/1980-3540.ge.2020.327>. Disponível em: <https://geneticanaescola.com.br/revista/article/view/327>. Acesso em: 9 fev. 2025.
- LIMA, R. S. *et al.* A Prevalência da Doença Falciforme no Brasil: Estudo de Coorte. *Jornal Brasileiro de Hematologia e Hemoterapia*, v. 41, n. 3, p. 289–297, 2019.
- LOHMANN, L. G. *et al.* Para entender a origem da floresta [Depoimento a Maria Guimarães]. *Pesquisa Fapesp*, n. 242, p. 16–21, 2016. Disponível em: <https://repositorio.usp.br/directbitstream/0bcd66a1-4469-4dcb-8372-2049e02920a6/2755528.pdf>. Acesso em: 9 fev. 2025.
- LOPES, G. P. *et al.* Taxonomic review of *Saguinus mystax* (Spix, 1823) (Primates, Callitrichidae), and description of a new species. *Peer J*, v. 11, p. e14526, 2023.

MACENA, M. G. *Ensino e aprendizagem de evolução biológica: uma análise da evolução conceitual no cotidiano de sala de aula*. 2. ed. São Paulo: Editora Dialética, 2023.

MARTINS-JUNIOR, A. M. G. *et al.* Phylogenetic relationships among Capuchin (Cebidae, Platyrrhini) lineages: An old event of sympatry explains the current distribution of Cebus and Sapajus. *Genetics and Molecular Biology*, v. 41, p. 699-712, 2018. DOI: <https://doi.org/10.1590/1678-4685-GMB-2017-0012>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/gmb/a/ZKLphGZJsWs6mhnYq4btVPb/?lang=en>. Acesso em: 9 fev. 2025.

MARSTON, A. L.; AMON, A. Meiosis: Cell-cycle controls shuffle and deal. *Nature Reviews Molecular Cell Biology*, v. 5, p. 983-997, 2004. DOI: <https://doi.org/10.1038/nrm1526>. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/nrm1526>. Acesso em: 16 out. 2025.

MEGLHIORATTI, F. A.; CALDEIRA, A. M. A.; BORTOLOZZI, J. Recorrência da ideia de progresso na história do conceito de evolução biológica e nas concepções dos professores de biologia: interfaces entre produção científica e contexto sócio-cultural. *Filosofia e História da Biologia*, v. 1, p. 107-123, 2006.

MIRANDA, L. S.; PRESTES, B. O.; ALEIXO, A. Molecular systematics and phylogeography of a widespread Neotropical avian lineage: evidence for cryptic speciation with protracted gene flow throughout the Late Quaternary. *Biological Journal of the Linnean Society*, v. 132, n. 2, p. 431-450, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1093/biolinnean/blaa193>. Disponível em: <https://academic.oup.com/biolinnean/article/132/2/431/6030770>. Acesso em: 9 fev. 2025.

OKUMURA, M. Genomas do passado: como os estudos de DNA antigo enriqueceram nosso conhecimento sobre a evolução humana. *Jornal da USP*, São Paulo, 17 out. 2022. Disponível em: <https://jornal.usp.br/artigos/genomas-do-passado-como-os-estudos-de-dna-antigo-enriqueceram-nosso-conhecimento-sobre-a-evolucao-humana/>. Acesso em: 09 fev. 2025.

OTTO, S. P.; GERSTEIN, A. C. The Evolution of Recombination: Removing the Limits to Natural Selection. *Genetics*, v. 206, n. 4, p. 1199-1221,



2017. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/9335621/>. Acesso em: 9 fev. 2025.
- PENA, S. D. J.; SANTOS, F. R.; TARAZONA-SANTOS, E. Genetic admixture in Brazil. *American Journal of Medical Genetics*, v. 184, n. 4, p. 928-938, 2020.
- PIRANI, R. M. *et al.* Diversification history of clown tree frogs in neotropical rainforests (Anura, Hylidae, Dendropsophus leucophyllatus group). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, v. 150, p. 106877, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2020.106877>. Acesso em: 9 fev. 2025.
- RAHBARI, R. *et al.* Timing, rates and spectra of human germline mutation. *Nature Genetics*, v. 48, n. 2, p. 126-133, 2016. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/ng.3469>. Acesso em: 9 fev. 2025.
- RIBAS, C. C. *et al.* A palaeobiogeographic model for biotic diversification within Amazonia over the past three million years. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, v. 279, n. 1729, p. 681-689, 2011. Disponível em: <https://royalsocietypublishing.org/doi/10.1098/rspb.2011.1120>. Acesso em: 9 fev. 2025.
- RIBEIRO, R. S.; SILVA, T. M. Alterações cromossômicas estruturais e segregação meiótica: um modelo didático usando massa de modelar. *Genética na Escola*, São Paulo, v. 11, n. 2, p. 138-147, 2016. Disponível em: <https://geneticanaescola.emnuvens.com.br/revista/article/view/231>. Acesso em: 9 fev. 2025.
- RIDLEY, M. *Evolução*. 3. ed. Porto Alegre: Artmed, 2006.
- ROCHA, A.; BARNETT, A.; SPIRONELLO, W. R. Extensão da distribuição geográfica de *Plecturocebus baptista* (Pitheciidae, Primates) e uma possível zona híbrida com *Plecturocebus hoffmannsi*: implicações evolutivas e de conservação. *Acta Amazônica*, v. 49, p. 330-333, 2019. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/aa/a/zVXFcxL6d6gjXKHZzhWQVXQ/?lang=en>. Acesso em: 9 fev. 2025.
- SANTOS, A. C. S.; FERNANDES, A. A. R.; FERNANDES, P. M. B. Uso da biotecnologia para a melhoria da qualidade nutricional

de alimentos. *Revista Brasileira de Pesquisa em Saúde*, v. 14, n. 4, 2012.

SANTOS, R. L.; LIMA JR., P. Estaríamos vivenciando uma virada decolonial na Educação em Ciências Brasileira. *Revista Brasileira de Pesquisa em Educação em Ciências*, v. 23, e41975, p. 1-36, 2023.

SANTOS, V. S.; WIETHÖLTER, P. Contribuições da engenharia genética no tratamento de doenças. *Brazilian Journal of Development*, v. 7, n. 3, p. 31157-31176, 2021. Disponível em: <https://ojs.brazilianjournals.com.br/ojs/index.php/BRJD/article/view/27129>. Acesso em: 9 fev. 2025.

SILVA, A. G.; COSTA, L. M. Desvendando a Diversidade Brasileira: Contribuições Iniciais do Projeto DNA do Brasil. *Revista Brasileira de Genética*, v. 29, n. 4, p.377-394, 2021.

SILVA, G. B.; RODRIGUES, A. B.; FREITAS, S. R. S. O ensino do tecido hematopoiético pela ótica da modelização: uma abordagem factível. *Cadernos de Educação*, v. 16, n. 32, p. 123-134, 2017. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/318518212_O_ensino_do_tecido_hematopoietico_pela_otica_da_modelizacao_uma_abordagem_factivel. Acesso em: 9 fev. 2025.

SILVA FILHA, R. T.; SILVA, A. A.; FREITAS, S. R. Uma Alternativa Didática às Aulas Tradicionais de Ciências: Aprendizagem Colaborativa e Modelização Aplicadas ao Ensino do Sistema Urinário. *Cadernos de Educação (UMESP)*, v. 15, p. 87-105, 2016. Disponível em: <https://core.ac.uk/download/pdf/229081341.pdf>. Acesso em: 2 out. 2025.

SILVA, F. R. *Entendendo a seleção natural com enfoque em exemplos brasileiros*. Dissertação (Mestrado Profissional em Ensino de Biologia) – Universidade Federal do Rio Grande do Norte. Mossoró, 2019. p. 81.

SILVA, M. T.; SANTOS, C. M. Uma análise histórica sobre Seleção Natural: de Darwin-Wallace à Síntese Estendida da Evolução. *Amazônia – Revista de Educação em Ciências e Matemática*, v. 11, n. 22, p. 46-61, 2015.



- SILVA, S. M. *et al.* Morphological and genetic diversity in a South American forest-dependent bat. *Zoologica Scripta*, v. 53, n. 3, p. 267-281, 2023. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/zsc.12646>. Acesso em: 9 fev. 2025.
- SOUZA, L. L.; FREITAS, S. R. S. Desafios para o ensino de biologia evolutiva no Amazonas, Brasil. *Brazilian Journal of Development*, Curitiba, v. 7, n. 5, p. 46520-46540, maio 2021. Disponível em: <https://ojs.brazilianjournals.com.br/ojs/index.php/BRJD/article/view/29528>. Acesso em: 17 out. 2025.
- SPANIOL, R. L. *et al.* Discolouring the Amazon Rainforest: how deforestation is affecting butterfly coloration. *Biodiversity and Conservation*, v. 29, n. 9, p. 2821-2838, 2020. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s10531-020-01999-3>. Acesso em: 9 fev. 2025.
- SUKOW, N. M.; BELTRAME, M. H. O que a (in) tolerância à lactose nos conta sobre a evolução humana?. *Genética na Escola*, v. 18, n. 2, p. 100-108, 2023. Disponível em: <https://www.geneticanaescola.com/revista/article/view/545>. Acesso em: 9 fev. 2025.
- TEIXEIRA, R. *et al.* O Projeto DNA do Brasil e suas Implicações para a Pesquisa em Diversidade Genética. *Genome Research Magazine*, v. 35, n. 2, p. 55-70, 2020.
- THIRUGNANASAMBANDAM, P. P. *et al.* Analysis of the diversity and tissue specificity of sucrose synthase genes in the long read transcriptome of sugarcane. *BMC plant biology*, v. 19, p. 1-14, 2019. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31023213/>. Acesso em: 9 fev. 2025.
- URRY, L. A. *et al.* (org.). *Biologia de Campbell*. 12. ed. Porto Alegre: Artmed, 2022.
- VIEIRA, G. C. Admirável mundo novo: a epigenética. In: ARAÚJO, L. A. L. (org.). *Evolução Biológica: da pesquisa ao ensino*. Porto Alegre: Editora Fi, 2017. p. 177-212.
- ZAMBERLAN, E. S. J.; SILVA, M. R. O ensino de evolução biológica e sua abordagem em livros didáticos. *Educação & Realidade*,

v. 37, n. 1, p. 187-212, 2012. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/edreal/a/GBxXNd5hDqkBqDtjH7FLPws/?lang=pt>. Acesso em: 17 out. 2025.

Glossário

Alopatria – significa áreas distantes, ou distribuições em áreas geográficas separadas.

Barreira geográfica – consiste em um obstáculo físico, podendo ser um rio, uma cadeia de montanhas, um deserto, algo que separe duas populações e provoque o isolamento reprodutivo.

Biosfera – é o conjunto de todos os ecossistemas da Terra.

Clado – é um grupo de organismos que têm um ancestral em comum.

Clina – é a mudança gradativa de um caráter ou de uma característica ao longo da distribuição geográfica de uma espécie, também conhecida por variação clinal.

Código genético – O código genético é o conjunto de regras que estabelece a correspondência entre as sequências de nucleotídeos do RNA mensageiro (mRNA) e os aminoácidos incorporados durante a síntese proteica.

Construção de nicho – é uma teoria que consiste no estudo do fenômeno ecológico no qual organismos, através de suas ações, escolhas e metabolismos, contribuem na construção ou destruição do nicho em que vivem, evoluindo junto com o próprio ambiente.

Crossing-over – é um processo que ocorre durante a meiose onde cromossomos homólogos trocam segmentos equivalentes de suas porções de DNA. Esse fenômeno resulta em novas combinações de alelos nos gametas, aumentando a diversidade genética.

Decolonialidade – é um movimento de anticolonialismo, de emancipação e libertação ao regime colonialista.





Deriva genética – é a mudança na frequência dos alelos de uma população de geração a geração que ocorre em consequência de eventos ao acaso.

Epigenética – é qualquer alteração que ocorre no material genético de um indivíduo fora da sequência de bases nitrogenadas dos ácidos nucleicos, porém afetam a expressão gênica. Essa mudança é desencadeada por fatores ambientais.

Especiação – origem e formação de novas espécies.

Evo-Devo – é um campo da Biologia Evolutiva do desenvolvimento que compara os processos de desenvolvimento de diferentes seres vivos como uma tentativa de determinar a relação ancestral entre organismos e como os processos de desenvolvimento evoluíram.

Extinção – é o desaparecimento completo de uma espécie, grupo ou organismo, seja em escala local ou global. Quando ocorre, significa que não existem mais indivíduos capazes de manter a população, tornando impossível sua continuidade.

Fenótipo – é a aparência do indivíduo, resultado da expressão dos genes e da interação com o meio.

Fluxo Gênico – é a troca gênica, ou seja, o movimento de genes na população que tem por objetivo homogeneizar geneticamente as populações separadas.

Fóssil – é um vestígio de qualquer organismo que viveu no passado.

Genótipo – é o conjunto de genes herdados por um indivíduo de seus progenitores.

Hereditariedade – refere-se à passagem de características genéticas de uma geração para a próxima. Essa transmissão de informação genética ocorre através dos genes, que

são carregados pelos cromossomos presentes no DNA dos indivíduos.

Isolamento reprodutivo – é um conjunto de mecanismos que representam a incapacidade de espécies diferentes de se cruzarem ou caso se cruzarem, de produzirem descendentes férteis.

Linhagem – neste caso significa descendência genética.

Metodologia ativa – é uma abordagem educacional que coloca os estudantes no centro do processo de aprendizagem, incentivando-os a participar ativamente na construção do conhecimento. Ao contrário do modelo tradicional, em que o professor é o principal transmissor de informações e os alunos são receptores passivos, a metodologia ativa promove uma aprendizagem mais engajadora e dinâmica.

Mutação – é qualquer alteração no material genético.

Parapatría – quer dizer viver ao lado em áreas geográficas adjacentes.

Plasticidade fenotípica – é a capacidade dos organismos de mudarem sua fisiologia ou morfologia em resposta ao ambiente.

Poliândrico – é um tipo de sistema de acasalamento em animais cuja a união em que uma só fêmea é ligada a dois ou mais machos ao mesmo tempo, visando garantir uma maior chance de descendentes.

Seleção Natural – é o mecanismo evolutivo que resulta na predominância de indivíduos com características favoráveis e redução de indivíduos com características desfavoráveis a um determinado ambiente, devido à existência de sobrevivência e reprodução diferenciais em uma população.





Segregação independente – é o princípio estabelecido por Gregor Mendel que afirma que alelos de diferentes genes se segregam (se separam) de forma independente uns dos outros quando os gametas são formados. Isso ocorre durante a meiose e leva a diferentes combinações nos gametas.

Simpatria – quer dizer viver junto na mesma área geográfica.

Teoria Cromossômica da Hereditariedade – é a hipótese científica que propõe que os genes estão localizados nos cromossomos e que o comportamento dos cromossomos durante a meiose explica as leis da hereditariedade de Mendel. Essa teoria unifica conceitos de citologia e genética, estabelecendo os cromossomos como os portadores de material genético.

Transmutação – é o processo de mudança (transformação) de uma espécie em outra ao longo do tempo.

Uropígio – é o apêndice triangular que recobre as vértebras caudais das aves, onde se inserem as penas da cauda.

Zona híbrida – é o local de formação de híbridos, que são indivíduos com características intermediárias aos seus genitores.



Sobre as autoras

Luciane Lopes de Souza

Licenciada e Bacharel em Ciências Biológicas, cursando as duas graduações em Licenciatura Plena e Bacharelado na Universidade Federal do Pará (1995 e 1998). Em 1999, fez mestrado em Zoologia pelo Programa de Pós-Graduação em Zoologia do Museu Paraense Emílio Goeldi/UFPA e o Doutorado na mesma instituição em 2006. Desde agosto de 2004 é professora da Universidade do Estado do Amazonas (UEA), onde atuou no Centro de Estudos Superiores de Tefé (2004-2015), no Centro de Estudos Superiores de Tabatinga (2015-2017) e na Escola Normal Superior desde 2017 até o presente momento. Em Tefé, coordenou o Curso de Licenciatura em Biologia no período de 2006 a 2008. Criou e coordenou o Curso de Especialização em Conservação dos Recursos Naturais, Gestão Ambiental e Educação de Jovens e Adultos na UEA. Coordenou o Curso de Especialização em Metodologia do Ensino de Ciências Naturais do convênio SEDUC-UEA (2014-2016). No período de 2009 a 2013, assumiu a Direção da Universidade do Estado do Amazonas, campus de Tefé. Atualmente é Coordenadora Institucional do Plano Nacional de Formação de Professores da Educação Básica (Parfor/UEA). É docente do quadro permanente do Programa de Pós-Graduação em Educação em Ciências na Amazônia da UEA (PPGEEC – Mestrado Acadêmico) e do Programa de Pós-Graduação de Biodiversidade e Ensino de Ciências Naturais (PPGBEC/UEA/IFAM). Coordena e orienta trabalhos acadêmicos de ensino, pesquisa e extensão. Realizou o pós-doutorado em Antropologia e Saúde no Centro de Investigação de Antropologia e Saúde no Departamento de Ciências da Vida da Universidade de Coimbra (DCV/UC) em 2024 e 2025. Suas principais pesquisas abordam os seguintes temas: Ecologia; Comportamento e Bem-estar de Primatas; Ensino de Ciências e Biologia na Amazônia; Educação Ambiental; Etnoprimatologia e Conservação da Biodiversidade.



Silvia Regina Sampaio Freitas

Graduada em Ciências Biológicas, nas modalidades Bacharelado em Genética (1998) e Licenciatura (2002), pela Universidade Federal do Rio de Janeiro. Em 2002, concluiu o Mestrado Acadêmico pelo Programa de Pós-graduação *Stricto Sensu* em Biologia Celular e Molecular do Instituto Oswaldo Cruz (PGBCM/IOC/Fiocruz), cuja dissertação traçou o perfil de polimorfismos genéticos em pacientes com Distrofia Miotônica atendidos no setor de Neurologia Clínica do Instituto Deolindo Couto/UFRJ. No período de 2002 a 2006, desenvolveu a tese sobre a epidemiologia molecular da hipertensão arterial em amostras de pacientes e populacionais do Rio de Janeiro e do Amazonas pelo PGBCM/IOC/Fiocruz em parceria com o Departamento de Hipertensão do Hospital de Cardiologia Laranjeiras. Entre os anos de 2008 e 2010, realizou o estágio de pós-doutoramento pelo departamento de Cardiopneumologia do Instituto do Coração da Faculdade de Medicina da USP (InCor/FMUSP). Nessa ocasião, desenvolveu estudos relevantes sobre o perfil epidemiológico da Hipertensão Arterial em diferentes populações brasileiras. No âmbito profissional, atuou como professora colaboradora/horista na Universidade Santa Úrsula (2003) e na Universidade do Grande Rio UNIGRANRIO (2006-2007). No período de 2010 a 2013 foi professora adjunta do Departamento de Ciências Biológicas da Universidade Federal do Espírito Santo. É professora da Universidade do Estado do Amazonas, onde atuou no Centro de Estudos Superiores de Tefé/CEST (2013-2024), na Escola Superior de Ciências da Saúde/ESA (desde 2023) e na Escola Normal Superior (a partir de 2024). No CEST, desempenhou inúmeras atividades administrativas, tais como a coordenação do Curso de Licenciatura em Ciências Biológicas de oferta modular (2015-2019) e regular (2019 a 2022) e a coordenação do Curso de Especialização em Metodologia do Ensino de Ciências Biológicas do convênio SEDUC/UEA (2014-2016). Possui experiência na coordenação de projetos



de ensino, pesquisa e de extensão universitária com financiamento público e privado. Atualmente, é Coordenadora Adjunta do Plano Nacional de Formação de Professores da Educação Básica (Parfor/UEA) e pesquisadora permanente do Programa de Pós-Graduação em Educação em Ciências na Amazônia (PPGEEC/ENS/UEA) e do Programa de Pós-Graduação em Biociência e Ensino de Ciências Naturais (PPGBEC/ENS/UEA). As principais áreas de atuação incluem: Metodologias de Ensino Ativas e Inovadoras; Ensino de Ciências e Biologia na Amazônia e Divulgação Científica para a Promoção da Ciência.



título Noções básicas de genética e evolução
com exemplos amazônicos

autoras Luciane Lopes de Souza
Sílvia Regina Sampaio Freitas

tipografias Active
Poppins
PT Serif
Sauna Pro

número de páginas 224

Agosto de dois mil e vinte e seis, cento e sessenta e sete anos
após a primeira publicação de *A Origem das Espécies*,
de Charles Darwin.



para conhecer mais da **editoraUEA** e de
nossas publicações, acesse o qr code abaixo



ueaeditora





Noções básicas de genética e evolução

com exemplos amazônicos

Noções Básicas de Genética e Evolução com Exemplos Amazônicos oferece uma introdução aos fundamentos da Genética e Evolução, dois pilares das Ciências Biológicas. A obra traça a jornada da Genética, desde as descobertas de Gregor Mendel até as inovações em genômica, destacando como esses avanços sustentam áreas como a Biotecnologia e a medicina personalizada.

Além de Genética, a obra aborda a Evolução Biológica, um conceito central e unificador do conhecimento biológico. Examina teorias evolutivas de cientistas renomados como Lamarck, Darwin e Wallace, e discute os principais mecanismos envolvidos, desde a seleção natural à especiação. Além disso, nessa seção, são discutidos alguns equívocos conceituais comuns que surgem ao se falar de evolução. A obra propõe uma abordagem inovadora ao ensino de evolução, centrada em exemplos regionais, permitindo que os educadores contextualizem o conteúdo para os estudantes.

Através de metodologias ativas e estudos de caso, *Noções Básicas de Genética e Evolução com Exemplos Amazônicos* busca tornar o aprendizado de Genética e Evolução envolvente e relevante para os estudantes, especialmente na região amazônica. Essa perspectiva enriquece o ensino e encoraja uma apreciação mais profunda das contribuições científicas brasileiras. Assim, esta obra se destaca como um recurso didático-pedagógico para educadores do ensino básico, promovendo uma pedagogia integrada que liga teoria científica a aplicações práticas.



purandu



editora
UEA



UEA
UNIVERSIDADE
DO ESTADO DO
AMAZONAS



AMAZONAS
GOVERNO DO ESTADO

