

Despersonalizando o ensino de evolução: ênfase nos conceitos através da sistemática filogenética

Charles Morphy D. Santos

Centro de Ciências Naturais e Humanas, Universidade Federal do ABC, Santo André, SP, Brasil

charles.santos@ufabc.edu.br

Bruna Klassa

Mestranda em Ensino, História e Filosofia da Ciência e Matemática na Universidade Federal do ABC,

Santo André, SP, Brasil

bruna.santanna@ufabc.edu.br



Educação: teoria e prática, Rio Claro, SP, Brasil - eISSN: 1981-8106

Está licenciada sob [Licença Creative Common](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/)

Resumo

É consenso que o ensino de biologia deve se centrar na evolução. Entretanto, há ainda grandes dificuldades em desfragmentar as diferentes áreas de conhecimento biológico para estudá-las sob a óptica evolucionista. Influências do meio externo e interpretações incorretas ou superficiais deste assunto afetam o modo como a ciência é compreendida dentro da sala de aula, contribuindo, muitas vezes, para um aprendizado pouco significativo e compartimentado, calcado principalmente na memorização. A biologia deve ser tratada em um enfoque histórico-filosófico, permitindo que o aluno transcenda às informações factuais e alcance o raciocínio subjacente a elas. Com o intuito de driblar essas dificuldades, discute-se aqui como trabalhar o ensino de evolução como eixo norteador das ciências biológicas por meio de conceitos fundamentais da sistemática filogenética (ancestralidade comum, homologia e a noção de tempo geológico). Nosso objetivo é o de desconstruir a visão simplista de uma ciência personalizada, amplamente difundida, e mostrar uma alternativa para se repensar o ensino de biologia sob uma perspectiva evolutiva.

Palavras-chave: Ensino de Biologia. Evolução. Sistemática Filogenética. Tempo Geológico.

Depersonalizing the teaching of evolution: emphasis on concepts through phylogenetic systematics

Abstract

It is consensus that the teaching of biology should be centered in evolution. However, there is still great difficulties to defragment the different areas of biological knowledge in order to study them under an evolutionary perspective. Influences of the external environment and incorrect interpretations of this issue affect the way science is understood within the classroom, contributing to a minor and compartmentalized learning, based mainly on memorization. Biology must be treated in a historical-philosophical context, allowing the student to transcend the factual informations and to reach the reasoning underlying them. Aiming to circumvent these difficulties, we discuss here how to work the teaching of evolution as the guiding principle of the biological sciences through the fundamental concepts of phylogenetic systematics (common ancestry, homology and the notion of geological time). Our goal is to deconstruct the personalized and simplistic widespread view of science and to show an alternative to rethink the teaching of biology from the perspective of evolution.

Key-words: Evolution. Geological time. Phylogenetic systematics. Teaching of biology.

1. Introdução

Depois de muita investigação, finalmente descobri que os estudantes tinham decorado tudo, mas não sabiam o que queria dizer. (...) Então, você vê, eles podiam passar nas provas, 'aprender' essa coisa toda e não saber nada, exceto o que eles tinham decorado. Richard Feynman (2000, p. 238)

É consenso que o ensino de biologia, nos níveis fundamental e médio, deve tomar a teoria da evolução, fortemente fundamentada em critérios filosóficos, como princípio organizador dos conteúdos apresentados. No entanto, ainda permanece não resolvido o problema das difundidas interpretações errôneas sobre a teoria e como lidar com elas na sala de aula (para comentários adicionais e exemplos de erros comuns veja Roque, 2003; Meyer; El-Hani, 2005; Amorim, 2008; Bizzo, 1994; Santos; Calor, 2008).

Muitos fatores contribuem para a aprendizagem deficiente da teoria evolutiva, incluindo conceitos prévios trazidos pelos estudantes para a sala de aula, suas visões de mundo e crenças religiosas. Parcela significativa das interpretações distorcidas é obtida fora do espaço escolar, amplificadas pela falta de conhecimento sobre evolução por parte do público não especializado e da mídia de massa, que refletem a defasagem generalizada de formação científica. A disseminação de interpretações incorretas ou superficiais pela publicidade, televisão, cinema, histórias em quadrinhos, revistas, jornais e internet acaba

por afetar diretamente a forma como a ciência é compreendida, o que fica patente nas aulas de biologia (SANTOS; CALOR, 2007a, 2007b, 2008).

Uma das grandes falácias sobre evolução é a tentativa de se representar grandes cadeias de organismos sucedendo-se de forma contínua e, pretensamente, conectados pelo processo evolutivo (GOULD, 1994). A célebre ilustração com uma série de antropoides caminhando em linha reta, tendo o *Homo sapiens* como primeiro da fila, é exemplo dessa interpretação incorreta. A ideia da evolução como transformação linear de um grupo mais simples em outro mais complexo contraria as proposições de Darwin (1858, 1859) e Wallace (1858), uma vez que elas partem da percepção da história evolutiva como uma grande “árvore” ramificada. Tendo por base a ideia de descendência com modificação a partir de um ancestral comum, isto é, ramificação no tempo, pode-se começar a repensar o ensino de biologia dentro de um arcabouço evolutivo. Também, precisam ser discutidas as questões do tempo geológico e de como, ao considerarmos esse processo natural que já dura quatro bilhões de anos, é possível descrever a atual diversidade biológica.

O objetivo do presente artigo é discutir a importância para o ensino de evolução de um adequado tratamento dos três temas supracitados, utilizando a sistemática filogenética: (1) tempo geológico, (2) ancestralidade comum e pensamento hierárquico e (3) conceito de homologia. Para tal, o ensino deve ser “despersonalizado” e não mais reduzido a uma pretensa querela entre figuras como Lamarck e Darwin. Apesar da necessidade de compreender a fundo o trabalho de tais autores – e de outros que tiveram contribuições importantes para a biologia –, a apresentação dos conteúdos biológicos na sala de aula, sob um arcabouço evolutivo, pode ganhar em qualidade e dinamismo se os conceitos supracitados forem trabalhados em conjunto, usando a abordagem filogenética de Hennig como ferramenta principal.

2. Princípio norteador

Um problema facilmente verificável no ensino de Biologia é sua abordagem fragmentada, com conotação memorialística e destituída de abordagem histórica, o que faz com que os alunos não consigam estabelecer relações entre os conceitos estudados (SANTOS; CALOR, 2007a, 2007b, 2008). Também contribui para isso os exames vestibulares, que, muitas vezes, exigem conhecimentos descontextualizados (KRASILCHIK, 1996). Apesar de a Biologia fazer parte do dia-a-dia, o seu ensino encontra-se tão distanciado da realidade

que não permite à população perceber o vínculo entre o que é estudado na escola e o cotidiano. De fato, tratar as exigências para a compreensão da Biologia como restritas apenas a um grande esforço de memorização parece lugar-comum no ensino da disciplina no Brasil – não é raro que alunos com ótimo rendimento escolar encontrem dificuldades quando solicitados a confrontar e comparar os diferentes conhecimentos adquiridos.

É sabido que o pilar organizador do conhecimento biológico é o conceito de evolução biológica. O pensamento evolutivo dá sentido às diversas áreas de conhecimentos e permite compreender como organismos aparentemente muito diferentes entre si compartilham atributos, da sua organização celular à constituição química. Apesar de os Parâmetros Curriculares Nacionais (PCN) já sugerirem a articulação dos conteúdos em biologia tendo como eixo principal a ecologia e a evolução (BRASIL, 1999), a abordagem tradicional nas escolas brasileiras, não raras vezes, restringe-se a uma visão limitada: não há quem não tenha ouvido algum professor, ou visto em algum material didático, que a evolução pode ser sintetizada nas teorias opostas de Lamarck e Darwin. Aproximações grosseiras de suas principais ideias e a falta de cuidados nas exposições, aliadas, ainda, a preconceitos de docentes e alunos, culminam em um aprendizado deficiente (SANTOS; CALOR, 2008). Por mais que se fale a respeito de evolução e se publique na grande mídia textos sobre o assunto, a percepção do grande público ainda está aquém do mínimo suficiente para possibilitar uma opinião crítica balizada. A despeito desse cenário, uma vez que a teoria da evolução está no cerne das ciências biológicas, deveria ser lógico pensar nela como o princípio organizador também do ensino de biologia, em qualquer nível, desde o primeiro contato do estudante com os seres vivos.

Quem já se encontrou falando sobre evolução em público provavelmente identificou algumas das dificuldades para se discutir o tema. Frases como “existem duas teorias que explicam a evolução, Darwin e a religião” ou “mas não é possível que os animais tenham evoluído tão rápido!” são corriqueiras. Realmente, parece complicado mostrar o que significam 600 milhões de anos de mudanças evolutivas. Mais difícil é falar sobre como não há uma tendência para o progresso na evolução ou como não podemos dizer que há, sempre, um aumento de complexidade durante a história das linhagens. Quando o assunto é a descoberta de ancestrais ou o encontro de elos perdidos, tudo fica nebuloso. Ao discutirmos a questão da ancestralidade do homem e sua semelhança com outros primatas, a compreensão continua diminuta. Se juntarmos a esse caldeirão uma série de falsas

concepções transformadas em clichês pela publicidade e mídia não especializada, temos um ciclo infinito de interpretações equivocadas, desinteresse e desinformação. Há uma solução para todos esses problemas?

3. Sobre a abordagem filogenética integrada

Mesmo que normalmente aplicada a estudos acadêmicos de classificação biológica, a sistemática filogenética pode ser utilizada para enfraquecer o paradigma essencialista corrente no ensino de biologia, incutindo na disciplina a ideia de que a melhor metáfora para a evolução não é uma fila indiana que vai de organismos mais “simples” até os mais “complexos” ou dos menos até os mais evoluídos, e, sim, uma árvore toda ramificada. Como se sabe desde Darwin (1858, 1859) e Wallace (1858), ao se pensar em evolução, deve-se ter em mente um diagrama ramificado, que conecta ancestrais e descendentes. Nessas árvores, que mostram as relações de parentesco entre os grupos, podemos sintetizar muita informação biológica (tais como características de morfologia externa, embriologia, fisiologia e comportamento). Ao utilizarmos essas árvores filogenéticas, também podemos começar a trabalhar conceitos relativos à construção, corroboração e refutação de hipóteses científicas.

Foi o entomólogo alemão Willi Hennig o primeiro a propor um método para se estabelecer as relações de parentesco entre os seres vivos, fundamentado no evolucionismo, chamado sistemática filogenética (HENNIG, 1950, 1966). Ela representou uma reviravolta na prática da classificação biológica, à época dominada por taxonomistas como Mayr (MAYR; PROVINE, 1980). A ideia de Hennig foi a de construir um método que permitisse o reconhecimento das relações genealógicas entre os organismos, que são resultantes da sua descendência com modificação a partir de um ancestral comum.

Segundo Hennig, entre os organismos somente poderiam ser conhecidas as relações de parentesco colaterais ou de grupos-irmãos (quando dois táxons são evolutivamente mais próximos entre si em relação a um terceiro). A reconstrução dessas relações depende do levantamento e da análise de características homólogas presentes nos grupos estudados. Em suma, caracteres homólogos são atributos semelhantes que surgiram no ancestral comum de grupos evolutivamente relacionados, que se modificaram com o passar das gerações. O conceito de homologia, que é a base de toda a biologia comparada (NELSON, 1994), é fundamental para a teoria da evolução. Como aponta Hall (1994), a homologia pode ser estudada em todos os níveis da organização biológica, de moléculas a células, tecidos,

órgãos, organismos, populações e comportamentos. As sete vértebras do pescoço de um humano correspondem às mesmas sete vértebras do pescoço de uma girafa: elas são homólogas, já que correspondem às sete vértebras do pescoço encontradas no ancestral comum mais recente de humanos e girafas (MILNER, 2009). A partir do reconhecimento das relações de grupos-irmãos, expressas em árvores filogenéticas (também chamados cladogramas), pode-se contar um pouco da história evolutiva dos grupos de organismos considerados.

Outro conceito fundamental para Hennig é o de monofiletismo. Desde a Antiguidade clássica, procurava-se uma maneira de se identificar, na natureza, quais grupos teriam existência real e quais seriam apenas construções da perturbada mente humana (HULL, 1988). É possível dizer que percevejos, libélulas, besouros e mosquitos são aparentados, mas o que dizer de um grupo contendo insetos, pterossauros, aves e morcegos? É fato que todos possuem asas. Isso faria deles um grupo natural, considerando o processo evolutivo? Hennig propôs que apenas os grupos monofiléticos são naturais, pois são os únicos que carregam a informação da história evolutiva e, assim, refletem o processo de descendência com modificação (SANTOS, 2008). Grupos monofiléticos contêm o ancestral comum mais recente e todos os seus descendentes, sendo portadores de homologias exclusivas não apresentadas por outros grupos. Nesse sentido, o grupo dos animais "alados" exemplificado é uma construção artificial.

Mas, como falar sobre grupos monofiléticos e homologias em diferentes níveis de ensino? Não é necessário utilizar tais termos: o mais importante é mostrar o raciocínio subjacente, apontando para a necessidade de se pensar em diagramas ramificados ao tratar de evolução. Ensinar biologia através de uma abordagem filogenética não significa utilizar o método de reconstrução de hipótese filogenética e todas as suas particularidades na sala de aula. Isso não é efetivo nem mesmo no ensino universitário de biologia. No entanto, como apontam Santos e Calor (2008), árvores filogenéticas são ferramentas poderosas na organização e apresentação dos conteúdos biológicos. Em uma aula voltada ao estudo das células, por exemplo, a partir de uma árvore que mostre as relações entre as bactérias, as arqueobactérias extremófilas e os eucariotos, que correspondem aos três domínios descritos por Woese (1977), pode-se mostrar a evolução da respiração celular nas espécies com carioteca a partir de características existentes em procariotos primitivos. Uma árvore filogenética dos animais permite mostrar o surgimento dos diferentes padrões de simetria

no tempo, os compartilhamentos de estruturas e genes e mesmo as características exclusivas desse ou daquele grupo. Essas árvores filogenéticas são norteadores da organização do que será apresentado durante as aulas, e permitem ao aluno visualizar os padrões hierárquicos entre as espécies à luz da teoria da evolução, sem necessidade de decorá-los, uma vez que eles devem entender como as características se modificam no tempo e não apenas memorizar tabelas de atributos, como na abordagem tradicional.

4. Um retrato da sala de aula

A necessidade de se discutir a teoria da evolução em diferentes níveis de ensino não é um assunto novo (*e.g.*, em SANTOS; CALOR, 2007a,2007b, 2008; BIZZO, 1994). No entanto, um retrato do que se pode encontrar na sala de aula quando se procura trabalhar conceitos evolutivos ainda carece de substância. Mesmo questões simples como “Há quanto tempo você acha que existem animais na Terra?”, “O que a teoria da evolução defende?” e “Moscas têm olhos. Peixes têm olhos. Polvos têm olhos. Nós temos olhos. O que pode explicar isso?” não são trabalhadas de forma a permitir que os estudantes compreendam os conceitos subjacentes a elas, que dizem respeito a três questões fundamentais sobre a teoria da evolução. Tais deficiências, necessariamente, refletirão na diminuição da qualidade do ensino da biologia como um todo (SANTOS; CALOR, 2008).

4.1 Sobre ancestralidade comum

Um exemplo da incorreção científica presente na cultura de massa é o que Gould (1989) chama de iconografia canônica da evolução, uma fila indiana liderada pelo *Homo sapiens* e iniciada por um primata semelhante a um chimpanzé, o *Australopithecus* (ou mesmo um chimpanzé verdadeiro em certas versões) (SANTOS; CALOR, 2007a) (Figura 1A). Essa ilustração distorce completamente o significado da teoria evolutiva, uma vez que mostra o mundo orgânico em uma aparente escalada em direção à melhoria e ao aperfeiçoamento, empurrado pelo processo evolutivo, um tipo de transformacionismo linear que remonta à *Scala Naturae* aristotélica e seus degraus de aumento de complexidade (MAYR, 2000). Essa marcha em linha permite interpretar a evolução como transformação de espécies “inferiores” ou “não evoluídas” em espécies “superiores” ou “evoluídas”. Aulas ou livros-textos de biologia quase sempre trazem essa ilustração, centrada na transformação direta de um grupo ‘A’ em um grupo ‘B’, independentemente de eles viverem ou não no

mesmo período – dessa iconografia vêm expressões erradas como “o homem veio do macaco”, quando tanto nossa espécie quanto nossos primos símios vivem no mesmo horizonte temporal e, assim, um grupo não pode ter descendido do outro.

A interpretação adequada das relações filogenéticas, no caso da evolução dos antropoides exemplificada na iconografia canônica, deve, claramente, mostrar que o *Homo sapiens* não é um descendente direto dos chimpanzés ou de algum outro primata moderno. O *H. sapiens* não é o estágio final da evolução, e, sim, uma linhagem dentro do grupo composto por todos os demais primatas, mais proximamente relacionado a outras espécies do gênero *Homo* (como o *H. neanderthalensis*) do que as outras espécies pertencentes a outros grupos de homínídeos. Para essa mudança de perspectiva, basta associar à iconografia clássica uma árvore filogenética que conecte todos os seus componentes, mostrando os agrupamentos por similaridade sem considerar a possibilidade de um ramo terminal se transformar, diretamente, em outro ramo terminal. Esses ramos apenas compartilham ancestrais comuns (nossa espécie não descende dos macacos; ambos os grupos descendem do mesmo ancestral comum) (Figura 1B).

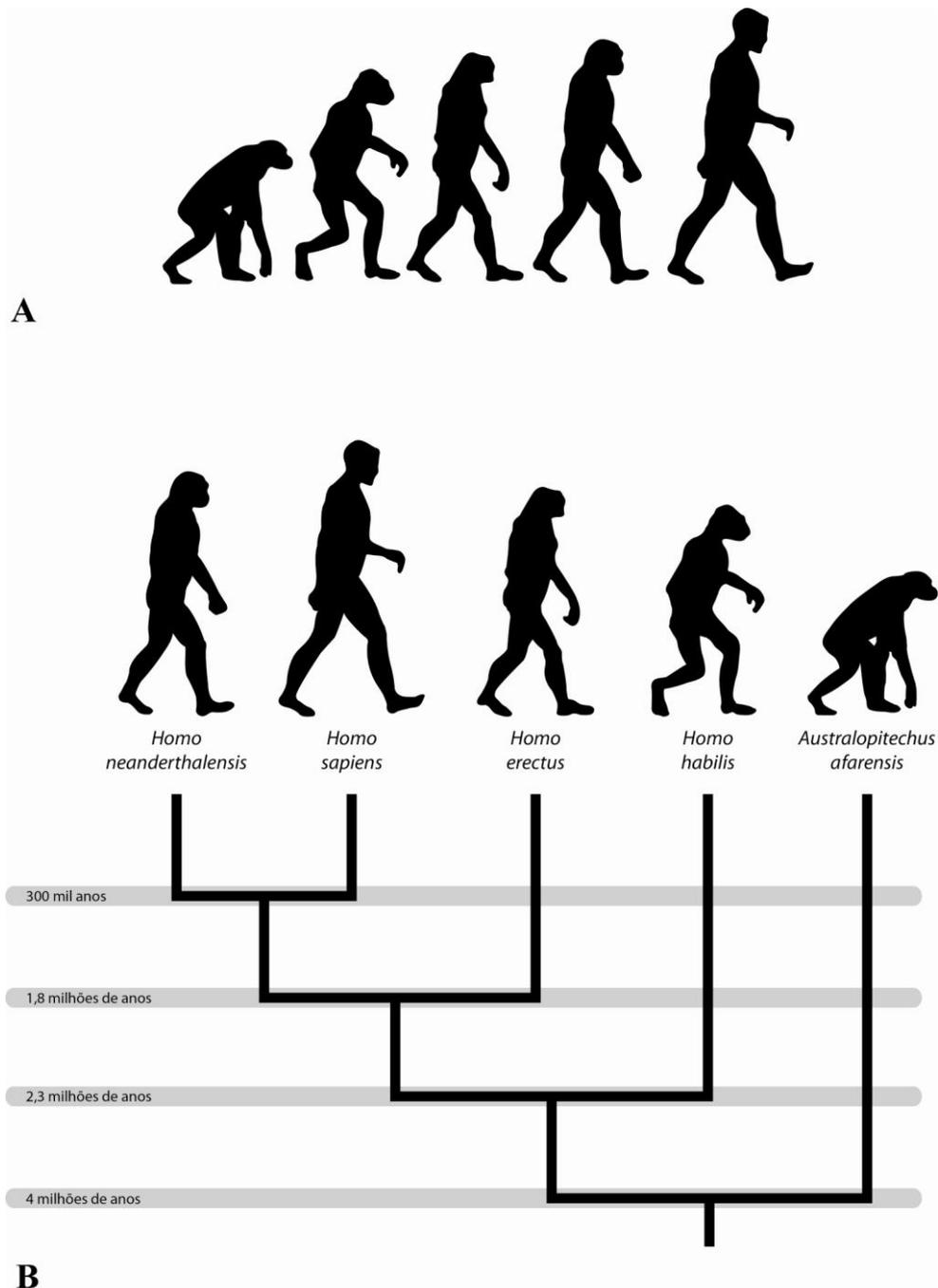


Figura 1 - Iconografia canônica da evolução: **A.** Representação incorreta, apontando para a evolução linear. **B.** Hipótese filogenética apresentando as relações de parentesco entre os principais hominídeos descritos até o momento, com as indicações de datações.

A explicação do conceito de ancestralidade, comum na sala de aula, pode partir de analogias com as próprias famílias dos alunos (GOULD, 2003): irmãos são mais próximos entre si quando comparados com seus primos; irmãos e primos são mais próximos entre si em relação a vizinhos, e assim por diante. Dessa forma, conecta-se a ancestralidade comum com a ideia de família, o que é um ponto positivo quando o objetivo é tratar todos os seres vivos como estando conectados historicamente por conta do processo evolutivo. Para isso, é desnecessário invocar qualquer autor (seja ele Darwin, Lamarck ou Hennig) – esse

conhecimento pode ser adicionado *a posteriori*, uma vez que a percepção do compartilhamento de similaridades e da proximidade evolutiva pode decorrer apenas da analogia com a estrutura familiar genealógica. Pensando a respeito de como sua família está organizada e qual a relação dela com as demais do seu entorno, o aluno tem a possibilidade de refletir sobre o conhecimento biológico, não apenas repeti-lo.

4.2 Sobre homologies e homologies profundas

Homologia significa correspondência entre partes. Dois atributos são homólogos se descenderam, geralmente com algum grau de modificação, de um atributo correspondente presente no ancestral comum a ambos. Apesar de parecer simples, isso não é um conceito fácil de explicar em sala de aula, mesmo em cursos de nível superior. Como nosso vocabulário não foi criado para expressar conceitos evolutivos (RIEPPPEL, 2005; SANTOS; CALOR, 2007a, 2007b, 2008), quase sempre utilizamos os mesmos termos para descrever estruturas com funções similares, mas com origens evolutivas diferentes. É o caso das asas, já comentado aqui: usamos o termo para aves, insetos, morcegos, pterossauros e aviões, apesar de a estrutura presente em cada um desses grupos claramente não ter a mesma origem. Nossa linguagem se estrutura em termos de analogia (similaridade de funções) e não de homologia (origem comum compartilhada).

Homologias são propostas de agrupamento. Para Rieppel (1994), elas são conjecturas de similaridade a serem explicadas por ancestralidade comum. Quanto maior o número de conjecturas suportando as mesmas relações de parentesco, mais forte é a evidência de que aquele conjunto de organismos corresponde a um grupo natural (SANTOS, 2008). Por mais reticentes que os professores possam parecer, em um primeiro momento, à inclusão do conceito de homologia no nível fundamental e médio, ele é essencial para que o raciocínio de árvore (BAUM, 2005) seja compreendido adequadamente. As homologias devem ser abordadas de forma hierárquica – a homologia em um nível, como a presença de quatro membros em vertebrados tetrápodes, não precisa corresponder a homologias em outros níveis, como o dos processos de desenvolvimento relacionados ao aparecimento dessas estruturas ou das cascatas gênicas subjacentes ao processo (HALL, 2003). Essa abordagem hierárquica permite que casos de surgimentos independentes possam ser explicados por um tipo de homologia que não presume a herança a partir do ancestral comum mais recente dos grupos que o portam, mas que responde por uma ancestralidade mais remota: são as

homologias profundas. Para o ensino de evolução, uma série de exemplos pode ilustrar os pontos citados.

Quando se começa a discutir a evolução dos animais, tendo como base uma hipótese filogenética ampla que apresente as relações de parentesco entre os principais grupos, é possível apresentar, de forma convincente, a importância das homologias profundas ao se considerar o aparecimento do que se convencionou chamar de genes mestres do *kit* de ferramentas do desenvolvimento animal (CARROLL, 2006), que incluem genes *Hox* e estruturais. Alguns exemplos que podem ser tratados na sala de aula, pelo fato de estarem relacionados à expressão de estruturas como olhos e apêndices locomotores, são o *Pax-6* e o *Distalless (Dll)*. O cladograma da Figura 2 mostra, de forma simplificada, como isso poderia ser apresentado aos alunos.

A questão do surgimento dos olhos é interessante. O gene *Pax6* (referido como *Eyeless* em moscas, *Aniridia* em humanos e *Small eyes* em camundongos) está presente em todas as espécies portadoras de olhos ou ocelos (GEHRING; IKEO, 1999). Ele é capaz de induzir a formação de estruturas fotorreceptoras e exerce funções diferentes quando expresso em outros tecidos. Assim, os olhos de vertebrados e os olhos compostos dos insetos compartilham o mesmo gene do *kit* de ferramentas e, pelo menos, parte das sequências de desenvolvimento que levam à expressão dessas estruturas fotorreceptoras, o que indica um alto grau de conservação evolutiva.

Outro caso de gene conservado evolutivamente é o do *Dll*, responsável pelo desenvolvimento dos membros de todos os artrópodes (insetos, aranhas, lacraias e crustáceos), asas de aves, nadadeiras de peixes, parapódios de anelídeos poliquetos, sifões e ampolas de ascídias e os pés-ambulacrais de equinodermados (CARROLL; GRENIER; WEATHERBEE, 2001).

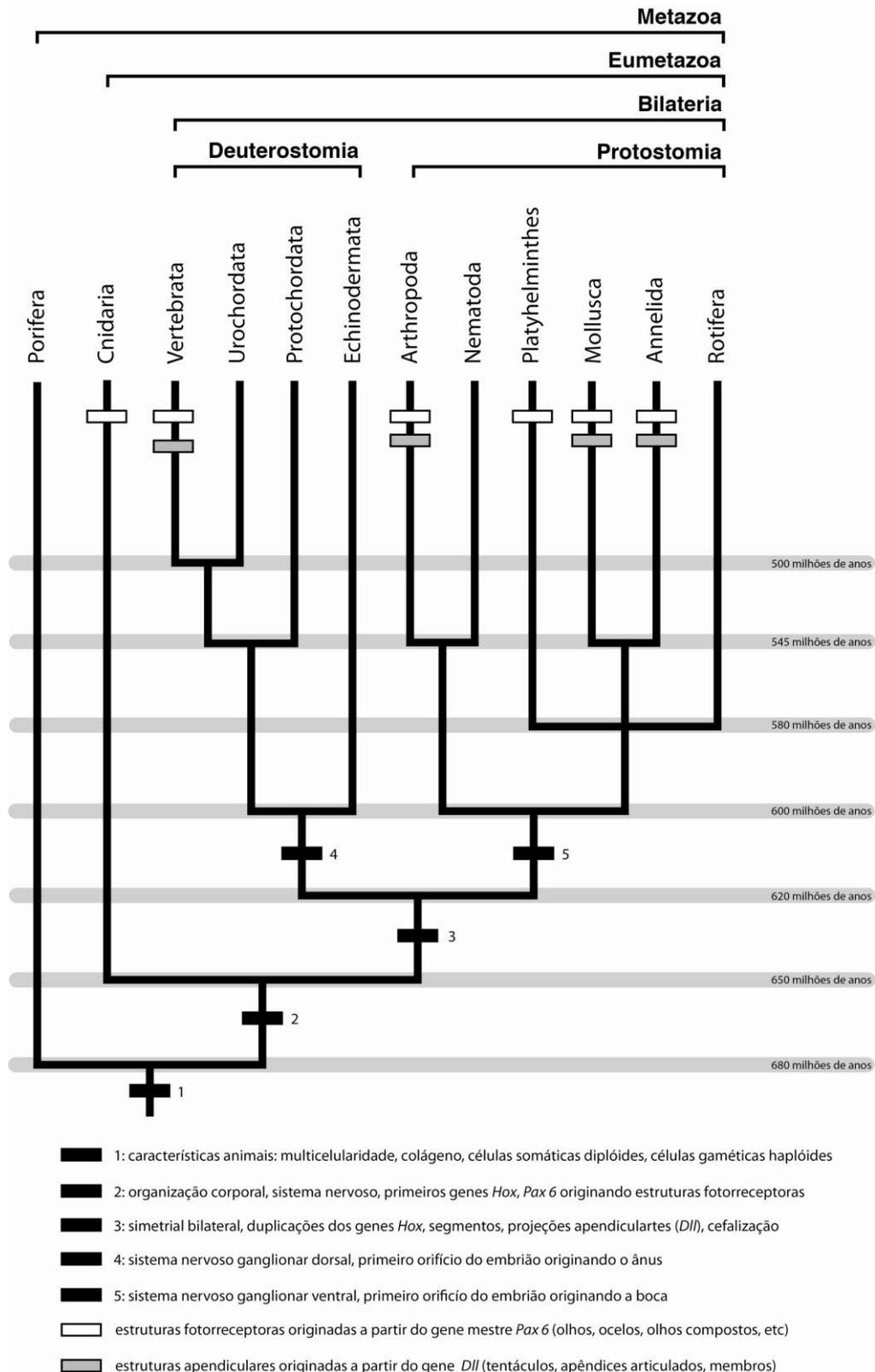


Figura 2 - Hipótese filogenética das relações entre os principais grupos de Metazoa (nome técnico dado aos animais), apontando para atributos morfológicos e genes compartilhados.

Assim como no exemplo dos olhos, os vários tipos de projeções corporais presentes nos animais surgiram independentemente, o que não significa que não existam genes e

processos de desenvolvimento compartilhados pelos grupos em que aparecem essas projeções do corpo.

Estima-se que nos animais o início da diversificação dos genes *Hox* e dos genes estruturais deu-se no período Cambriano, há cerca de 520 milhões de anos (GOULD, 1989; CARROLL, 2006; PROTHERO, 2007). Muitos dos genes que surgiram nesse período são, hoje, compartilhados por diferentes grupos animais. Trabalhos recentes, investigando atributos do sistema nervoso de animais bilaterais (como artrópodes e vertebrados), por exemplo, têm demonstrado que eles compartilham características derivadas do sistema nervoso do ancestral comum de todos os organismos com simetria bilateral (TELFORD, 2007). Nesses organismos há, também, genes comuns relacionados à divisão do corpo em segmentos. Esses e outros exemplos podem ser encontrados em livros de grande divulgação, como Carroll (2006) ou Dawkins (2009), ou na internet, facilitando a atualização de professores. Como aponta Gilbert (2003), evidências da biologia evolutiva do desenvolvimento, juntamente com reconstruções filogenéticas, são importantes fontes de dados para discussões a respeito de evolução com estudantes e, também, com audiências mais amplas. Essa visão enfatiza a aproximação entre a ideia de bricolagem e o processo evolutivo. Nas palavras de Jacob (1977, p. 1163):

Novidades vêm de associações previamente não observadas de materiais antigos. Criar é recombinar (...) em contraste com o que ocorre na evolução, o engenheiro trabalha de acordo com um plano pré-concebido no qual ele prevê o produto dos seus esforços. (...) para fazer um novo produto, ele tem à sua disposição tanto materiais especificamente preparados para aquele fim quanto máquinas designadas somente para tal tarefa. [A seleção natural] trabalha como um funileiro que usa tudo à sua disposição para produzir algum tipo de objeto viável (JACOB, 1977, p.1163).

A importância das homologies precisa ser reconhecida desde o primeiro contato do estudante das ciências da vida com a diversidade biológica (SANTOS; CALOR, 2008). É sabido que grande parte dos materiais didáticos traz apenas um arremedo dessa discussão, com exemplos repetidos e pouco elucidativos: pouco se avança além de casos clássicos da semelhança entre os membros anteriores de humanos, aves, morcegos e outros tetrápodes. Tendo em vista as últimas décadas de pesquisa em sistemática e biologia evolutiva do desenvolvimento, novos estudos de casos podem ser usados na compreensão da complexidade da evolução. O reconhecimento do significado evolutivo das homologies profundas é crucial para que se compreenda que algumas das peças fundamentais da

evolução (como os genes) surgiram centenas de milhões de anos atrás e vêm sendo modificadas continuamente (DUBOULE; WILKINS, 1998).

Capacitar o aluno a reconhecer homologias oferece mais elementos para ajudá-lo a compreender como todos os seres vivos estão conectados entre si, em algum ponto, na árvore da vida. Discussões sobre esse tema são potenciais facilitadores do entendimento sobre a evolução biológica em sala de aula. Isso torna mais clara a ideia de que há uma unidade entre os seres vivos e de que essa conexão é sinalizada de uma forma elegante pela natureza através da presença de atributos homólogos.

4.3 Sobre tempo geológico

Na evolução, a ideia de ancestralidade comum e os conceitos de homologia e homologia profunda só fazem sentido se considerarmos um tempo geológico dilatado. O próprio Darwin (1859) dizia algo nesse sentido – aproveitando-se da geologia uniformitarista do século XIX, a teoria da evolução preconizava mudanças graduais no tempo, que seriam herdadas e poderiam levar a eventos de especiação; para isso, as primeiras formas de vida na Terra deveriam ter aparecido muito antes do que a cronologia bíblica ditava (MAYR, 1998).

Após a publicação do *Origem das espécies* (DARWIN, 1859), o registro fóssil tornou-se a ferramenta essencial para ordenar a história da vida no planeta. Essas evidências diretas, como restos de organismos preservados nas rochas, e indiretas, como os icnofósseis, que são vestígios da passagem de organismos por determinado ambiente deixados no sedimento, são fundamentais para que se tenha uma noção exata da dimensão temporal da Terra (TEIXEIRA et al., 2009). Por mais complicado que seja conceber algo como 4,5 bilhões de anos, é nessa escala de tempo que a história evolutiva dos organismos deve ser trabalhada na sala de aula. Apesar de certas interpretações literais bíblicas, que defendem a origem de todas as espécies orgânicas como aquela descrita no Gênesis, estimando a idade do planeta em algo em torno de 4000 anos, o arranjo de eras, períodos e épocas geológicas, que se baseia no próprio registro fóssil e em datações absolutas feitas a partir de radioatividade e da meia-vida dos elementos químicos constituintes do solo, mostra claramente que a escala de tempo geológico deve ser medida e ensinada usando “milhões de anos” como medida padrão.

Nesse sentido, as árvores filogenéticas também são úteis. Ao apresentar as estimativas da idade de cada nó em uma árvore, o aluno tem a possibilidade de conectar a ideia de hierarquia natural com a de sequência de aparecimento dos grupos biológicos principais – além disso, se essa apresentação for acurada, também será possível ao estudante perceber que a linearidade não existe na evolução. Uma árvore que traga reunidos todos os organismos com simetria bilateral, que incluem planárias, artrópodes, moluscos, anelídeos, equinodermados e vertebrados, juntamente com a estimativa da idade desse grupo, vai permitir ao estudante entender que os organismos com notocorda, nos quais se incluem os peixes, répteis, anfíbios e mamíferos, surgem no final do Cambriano, há cerca de 520 milhões de anos, concomitantemente ao surgimento de grande parte dos invertebrados. Não há, portanto, sustentação fóssil para a interpretação linear da evolução: os chimpanzés não são ancestrais dos *Homo sapiens*, como discutido acima. Eles apenas compartilham um ancestral comum, surgido há mais de quatro milhões de anos. Uma árvore filogenética desenhada sob a iconografia canônica da evolução (GOULD, 1989), com as datas presumidas de origem dos grupos marcadas nos seus nós, seria suficiente para mostrar quão elástico é o tempo geológico e como as interpretações correntes sobre o processo evolutivo estão, na sua maioria absoluta, equivocadas.

5. Comentários Finais

Considerar o contexto histórico durante a exposição dos conteúdos é importante e evita a distorção da real prática da ciência, permitindo ao professor definir a atividade científica como a busca pela compreensão da natureza, pela solução de problemas e pela geração de tecnologias dentro de um determinado contexto social. Cientistas não vivem em torres de marfim, isolados do mundo externo, enlouquecidos pelo seu trabalho e suas experiências. A imagem do pesquisador com cabelos eriçados e roupa amarrotada não condiz (muito) com a prática corriqueira da atividade científica: compreender o contexto histórico é importante para o que o aluno não considere a ciência como área de predestinados ou iluminados (CALOR; SANTOS, 2004).

Porém, é preciso tomar o máximo de cuidado para, ao trazer a história para o debate, não reforçar preconceitos ou negligenciar autores. O pensamento evolutivo não começa com Charles Darwin ou Alfred Wallace; ele também não remonta apenas a Lamarck, um dos pensadores mais mal interpretados nesse debate. A gênese da teoria da evolução deve

muito a Kant, Conde de Buffon, Leibniz, Erasmus Darwin, Leopold von Buch, Malthus e outros. O pensamento evolutivo que se trabalha no século XXI avançou, e muito, a partir dos conceitos originais: Weissman, Mayr, Dobzhansky, Simpson, Watson, Crick, Wegener, Hennig, Margullis, Croizat, Gould, Dawkins e uma série de outras figuras proeminentes nas ciências naturais, nos séculos XX e começo do XXI, os quais ajudaram a moldar o que conhecemos, hoje, como teoria da evolução. A longa história e o complexo rol de protagonistas inviabiliza, em sala de aula, uma apresentação que faça mínima justiça às suas contribuições. Sendo assim, o que se defende, aqui, é que o ensino de evolução nos níveis fundamental e médio seja despersonalizado em prol de um maior aprofundamento nos conceitos essenciais para a compreensão de como se dá o processo de descendência com modificação.

Organizar os conteúdos tratados nas aulas sob a forma de árvores evolutivas é a chave para se tratar assuntos complexos como tempo geológico, homologias e a noção de evolução como mudança, e não como progresso do mais simples ao mais complexo. O raciocínio hierárquico parte da própria concepção de família que o aluno traz consigo – uma vez que evolução nada mais é que genealogia familiar tratada em um tempo muito dilatado. Essa abordagem facilita a defesa de que estamos todos conectados, independentemente da aparente distância entre nossa espécie e os demais organismos do planeta.

Referências

AMORIM, D.S. Paradigmas pré-evolucionistas, espécies ancestrais e o ensino de Zoologia e Botânica. **Ciência & Ambiente**, Santa Maria, v. 36, p. 125-150, 2008.

BAUM, D.A.; SMITH, S.D.; DONOVAN, S.S.S. The tree-thinking challenge. **Science**, v. 310, p. 979-80, Nov, 2005.

BIZZO, N.M.V. From down house landlord to Brazilian high school students – what has happened to evolutionary knowledge on the way? **Journal of Research in Science Teaching**, v. 31, n. 5, p. 537-56, Mai, 1994.

BRASIL. **Parâmetros Curriculares Nacionais: Ensino Médio**. Brasília: Ministério da Educação. Secretaria de Educação Média e Tecnológica. 1999.

CALOR, A.R.; SANTOS, C.M.D. Filosofia e ensino de ciências: uma convergência necessária. **Ciência Hoje**, v. 35, n. 210, p. 59-61, Nov, 2004.

CARROLL, S.B. **Infinitas Formas de Grande Beleza**. Rio de Janeiro: Jorge Zahar Editora, 2006.

CARROLL, S.B.; GRENIER, J.K.; WEATHERBEE, S.D. **From DNA to Diversity: Molecular Genetics and the Evolution of Animal Design**. Oxford: Wiley-Blackwell, 2001.

DARWIN, C. On the tendency of species to form varieties, and on the perpetuation of varieties and species by means of natural selection. **Journal of the Proceedings of the Linnean Society (Zoology)**, v. 3, p. 45-62, Ago, 1858.

DARWIN, C. **On the origin of species by means of natural selection or the preservation of favored races in the struggle for life**. Londres: John Murray, 1859.

DAWKINS, R. **The Greatest Show on Earth: The evidence for Evolution**. London: Bantam Press, 2009.

DUBOULE, D. & WILKINS, A.S. The evolution of 'bricolage'. **Trends in Genetics**, v. 14, n. 2, p. 54-59, Fev, 1998.

FEYNMAN, R.P. **Deve ser brincadeira, Sr. Feynman!** Brasília, DF: Editora Universidade de Brasília, 2000.

GEHRING, W.J. & IKEO, K. *Pax 6* mastering eye morphogenesis and eye evolution. **Trends in Genetics**, v. 15, n. 9, p. 371-377, Set, 1999.

GILBERT, S.F. Opening Darwin's black box: teaching evolution through developmental genetics. **Nature Reviews**, v. 4, n. 9, p. 735-741, Set, 2003.

GOULD, S.J. **Wonderful Life: the Burgess Shale and the nature of history**. New York: W.W. Norton, 1989.

GOULD, S.J. On replacing the idea of progress with an operational notion of directionality. In: Hull, D.L. & Ruse, M. (Eds.), **The philosophy of biology**. Oxford University Press, New York, 1994, p. 650-668.

GOULD, S.J. **I have landed**: the end of a begging in Natural History. New York: Three Rivers Press, 2003.

HALL, B.K. **Homology**: The hierarchical basis of comparative biology. San Diego, California: Academic Press, 1994.

HALL, B.K. Descent with modification: the unity underlying homology and homoplasy as seen through an analysis of development and evolution. **Biological Reviews of the Cambridge Philosophical Society**, v. 78, n. 3, p. 409-433, Ago, 2003.

HENNIG, W. **Grundzüge Einer Theorie der Phylogenetischen Systematik**. Berlim: Deutscher Zentralverlag, 1950.

HENNIG, W. **Phylogenetic systematics**. Urbana: University of Illinois Press, 1966.

HULL, D.L. **Science as a process**: an evolutionary account of the social and conceptual development of science. Chicago: University of Chicago Press, 1988.

JACOB, F. Evolution and tinkering. **Science**, v. 196, n. 4295, Jun, p. 1161-66, 1977.

KRASILCHIK, M. Formação de professores e ensino de ciências: tendências nos anos 90. In: Menezes, L.C. (org.) **Formação Continuada de Professores de Ciências**. São Paulo: Nupes, 1996, p. 135-170.

MAYR, E.; PROVINE, W.B. **The evolutionary synthesis**: perspectives on the unification of biology. Cambridge: Harvard University Press, 1980.

MAYR, E. **O desenvolvimento do pensamento biológico**. Brasília, DF: Editora Universidade de Brasília, 1998.

MAYR, E. Darwin's influence on modern thought. **Scientific American**, v. 283, n. 1, p. 66-71, Jul, 2000.

MEYER, D.; EL-HANI, C. **Evolução**: o sentido da biologia. São Paulo: Editora UNESP, 2005.

MILNER, R. **Darwin's Universe**: Evolution from A to Z. Berkeley: University of California Press, 2009.

NELSON, G. **Homology and systematic**. Homology: the hierarchical basis of comparative biology (ed. By B.K. Hall). San Diego: Academic Press, 1994, p. 101-149.

PROTHERO, D.R. **Evolution**: what the fossils say and why it matters. New York: Columbia University Press, 2007.

RIEPEL, O. Homology, topology, and typology: the history of modern debates. In: Hall, B. K. (ed.) 1994. **Homology**: The hierarchical basis of comparative biology. San Diego, California: Academic Press, 1994, p.63-100.

RIEPEL, O. Monophyly, paraphyly, and natural kinds. **Biology and Philosophy**, v. 20, n. 2-3, p. 465-487, Mar, 2005.

ROQUE, I.R. Girafas, mariposas e anacronismos didáticos. **Ciência Hoje**, v. 34, n. 200, p. 64-67, Dez, 2003.

SANTOS, C.M.D. Os dinossauros de Hennig: sobre a importância do monofiletismo para a sistemática biológica. **Scientiae Studia**, São Paulo, v. 6, n.2, p. 179-200, Jun, 2008.

SANTOS, C.M.D.; CALOR, A.R. Ensino de Biologia Evolutiva utilizando a estrutura conceitual da Sistemática Filogenética - I. **Ciência & Ensino**, Campinas, v. 1, n. 2, p. 1-8, 2007a.

SANTOS, C.M.D.; CALOR, A.R. Ensino de Biologia Evolutiva utilizando a estrutura conceitual da Sistemática Filogenética - II. **Ciência & Ensino**, Campinas, v. 1, n. 2, p. 1-8, 2007b.

SANTOS, C.M.D.; CALOR, A.R. Using the logical basis of phylogenetic as the framework for teaching biology. **Papéis Avulsos de Zoologia**, São Paulo, v. 48, n. 18, p. 199-211, 2008.

TEIXEIRA, W.; TOLEDO, M.C.M.; FAIRCHILD, T.R.; TAILOLO, F. **Decifrando a Terra**. São Paulo, SP: Companhia Editora Nacional, 2009.

TELFORD, M.J. A single origin of the central nervous system? **Cell**, v. 129, n. 2, p. 237-239, Abr, 2007.

WALLACE, A.R. On the tendency of varieties to depart indefinitely from the original type. **Journal of the Proceedings of the Linnean Society (Zoology)**, v. 3, p. 53-62, Ago, 1858.

WOESE, C. Phylogenetic structure of the prokaryotic domain: the primary kingdoms.

Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, v. 74, n. 11, p. 5088-90, Nov, 1977.

Enviado em Dezembro / 2011

Aprovado em Março/2012