



Universidade Federal Rural de Pernambuco  
Departamento de Biologia  
Licenciatura em Ciências Biológicas

Matheus Geovane Gomes De Sousa

**CONTRIBUIÇÕES DO USO DE FERRAMENTAS DE BIOINFORMÁTICA NO ENSINO  
E APRENDIZAGEM DE EVOLUÇÃO ENVOLVENDO A TEMÁTICA PANDEMIAS  
CAUSADAS PELA BACTÉRIA *Yersinia pestis***

Recife  
2025

MATHEUS GEOVANE GOMES DE SOUSA

**CONTRIBUIÇÕES DO USO DE FERRAMENTAS DE BIOINFORMÁTICA NO ENSINO  
E APRENDIZAGEM DE EVOLUÇÃO ENVOLVENDO A TEMÁTICA PANDEMIAS  
CAUSADAS PELA BACTÉRIA *YERSINIA PESTIS***

Trabalho de Conclusão de Curso(monografia)  
apresentado ao Curso de Licenciatura em  
Ciências Biológicas da Universidade Federal  
Rural de Pernambuco, como requisito parcial  
para obtenção do título de licenciado em  
Ciências Biológicas.

Orientadora: Prof<sup>ª</sup>. Dr<sup>ª</sup>. Nara Suzy Aguiar de  
Freitas

Coorientador: MSc. Aleksandro Alberto da  
Silva

Recife

2025

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)  
Sistema Integrado de Bibliotecas da UFRPE  
Biblioteca Central, Recife-PE, Brasil

S725c Sousa, Matheus Geovane Gomes de  
Contribuições do uso de ferramentas de bioinformática  
no ensino e aprendizagem de evolução envolvendo a temática  
pandemias causadas pela bactéria yersinia pestis / Matheus Geovane  
Gomes de Sousa. – 2025.  
77 f.: il.

Orientador(a): Nara Suzy Aguiar de Freitas.  
Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação) – Universidade  
Federal Rural de Pernambuco, Departamento de Ciências biológicas,  
Recife, BR-PE, 2025.

Inclui referências, anexo(s) e apêndice(s).

1. Bioinformática 2. Evolução (Biologia) - Estudo e ensino  
3. Tecnologia da informação 4. Comunicação - Inovações  
tecnológicas 5. Inovações educacionais 6. Prática de ensino  
I. Freitas, Nara Suzy Aguiar de, orient. II. Título

CDD 574.07

Matheus Geovane Gomes de Sousa

**CONTRIBUIÇÕES DO USO DE FERRAMENTAS DE BIOINFORMÁTICA NO ENSINO  
E APRENDIZAGEM DE EVOLUÇÃO ENVOLVENDO A TEMÁTICA PANDEMIAS  
CAUSADAS PELA BACTÉRIA YERSINIA PESTIS**

Trabalho de Conclusão de Curso(monografia)  
apresentado ao Curso de Licenciatura em Ciências  
Biológicas da Universidade Federal Rural de  
Pernambuco, como requisito parcial para obtenção do  
título de licenciado em Ciências Biológicas.

APROVADO EM: 06/08/2025

**BANCA EXAMINADORA**

---

Prof<sup>a</sup>. Dr<sup>a</sup>. Nara Suzy Aguiar de Freitas(Orientadora)  
Universidade Federal Rural de Pernambuco

---

Prof<sup>a</sup>. Dr<sup>a</sup> Jacqueline Santos Silva Cavalcanti (Examinador Interno)  
Universidade Federal Rural de Pernambuco

---

Profa. MSc<sup>a</sup>. Andressa Rodrigues dos Santos (Examinador Externo)  
Universidade Federal Rural de Pernambuco

---

Prof. MSc<sup>o</sup> André dos Santos (Examinador Externo Suplente)  
Secretária de Educação do Estado de Pernambuco

Dedico essa monografia à minha querida mãe, Jaqueline, sem ela eu não estaria aqui.

## **Agradecimentos**

Em primeiro lugar, gostaria de expressar minha profunda gratidão aos meus orientadores, Dr. Alexsandro Alberto da Silva e a Dra. Nara Suzy Aguiar de Freitas, por terem aceitado esse desafio e me auxiliarem nesta jornada. Suas orientações e contribuições foram fundamentais para o desenvolvimento deste trabalho. Mais do que isso, agradeço pelas oportunidades que me proporcionaram, abrindo portas e mostrando o quanto essa experiência pode ser transformadora. Gratidão!

Um agradecimento especial à professora Lívia Maria, que foi uma divisora de águas na minha vida. Foi ela a responsável por despertar em mim a paixão e o meu interesse pela Biologia. Seus ensinamentos disruptivos, deu-me lições valiosas que guardo no meu coração, os livros de Marcelo Gleiser e as revistas científicas permanecem não apenas em minha memória, mas moldaram profundamente minha formação humana e profissional.

Aos meus demais orientadores da FIOCRUZ, Dr. Igor Rocha Vasconcelos, Dr. João Pitta, Dr. Matheus Filgueira Bezerra, Dr<sup>a</sup>. Alzira Maria Paiva de Almeida e a Dr<sup>a</sup>. Marise Sobreira, direciono meus agradecimentos. Cada um contribuiu com sabedoria e generosidade oferecendo-me um aprendizado imensurável durante esses anos da minha graduação.

Aos meus pais, Jaqueline e Geovandro e a minha irmã Isabelly que sempre me apoiaram e acreditaram no meu potencial, especialmente durante esses anos de graduação.

Por fim, um agradecimento à UFRPE, por buscar oferecer o melhor para os seus estudantes: o melhor restaurante universitário, as melhores bibliotecas, o melhor Hospital Veterinário, o melhor ensino. Agradeço a todos os professores, a todos os funcionários e a todos aqueles que contribuíram direta ou indiretamente para a minha formação.

**“Me movo como educador, porque, primeiro, me movo como gente”.**

Paulo Freire

## LISTA DE FIGURAS

		Pág
<b>Figura 01</b>	Representação esquemática da genealogia de <i>Y. pestis</i> .....	<b>23</b>
<b>Figura 02</b>	Atividade busca das sequências perdidas .....	<b>32</b>
<b>Figura 03</b>	Apresentação do software MEGA .....	<b>33</b>
<b>Figura 04</b>	Representantes de <i>Yersinia pestis</i> das três grandes pandemias .....	<b>33</b>
<b>Figura 05</b>	Proporção de discentes .....	<b>35</b>
<b>Figura 06</b>	Porcentagem dos alunos e seu entendimento sobre evolução .	<b>36</b>
<b>Figura 07</b>	Porcentagem dos alunos e seu entendimento sobre a teoria evolutiva mais aceita .....	<b>37</b>
<b>Figura 08</b>	Representação errônea da evolução biológica que os estudantes apresentaram .....	<b>39</b>
<b>Figura 09</b>	Representação correta da evolução biológica .....	<b>40</b>
<b>Figura 10</b>	Porcentagem sobre o que os alunos acham acerca dos conteúdos de evolução .....	<b>43</b>
<b>Figura 11</b>	A evolução relacionada com o surgimento de pandemias .....	<b>45</b>
<b>Figura 12</b>	Percepção dos alunos sobre as causas de pandemias .....	<b>46</b>
<b>Figura 13</b>	Conhecimento prévio dos estudantes sobre a Peste Negra .....	<b>47</b>
<b>Figura 14</b>	Árvore filogenética obtida pelo MEGA .....	<b>51</b>
<b>Figura 15</b>	Realização de atividade de revisão .....	<b>53</b>
<b>Figura 16</b>	Porcentagem dos alunos e seu entendimento sobre o significado de evolução .....	<b>55</b>
<b>Figura 17</b>	Entendimento sobre a teoria evolutiva mais aceita atualmente .	<b>56</b>
<b>Figura 18</b>	A atividade facilitou o conhecimento.....	<b>57</b>
<b>Figura 19</b>	Aulas no laboratório de informática .....	<b>59</b>

## **LISTA DE SIGLAS E ABREVIATURAS**

1. **NCBI** - Centro Nacional de Informações sobre Biotecnologia
2. **MEGA** - Análise Genética Evolutiva Molecular
3. **DNA** - Ácido desoxirribonucleico (Deoxyribonucleic Acid)
4. **RNA** - Ácido ribonucleico (ribonucleic acid)
5. **rRNA** - Ácido ribonucleico ribossômico
6. **TCLE** - Termo de consentimento livre e esclarecido.
7. **TDIC** - Tecnologias digitais de informação e comunicação
8. **BNCC** - Base Nacional Comum Curricular

## RESUMO

Este trabalho investigou as contribuições do uso de ferramentas de bioinformática de modo lúdico no ensino-aprendizagem da evolução, sob a perspectiva das histórias das pandemias provocadas pela bactéria *Yersinia pestis*, como modelo evolutivo. Adotou-se uma abordagem quali-quantitativa com metodologia descritiva, aplicando uma sequência de aulas dividida em quatro momentos, que envolveu questionários iniciais e finais. As sequências genéticas e a árvore filogenética gerada nas aulas permitiu aos discentes a visualização de processos históricos das três pandemias de *Y. pestis*. Inicialmente com visão tipológica, os discentes avançaram para um entendimento atual reconhecendo alterações genéticas ao longo do tempo e correlacionando com as variações do vírus da pandemia de COVID-19. As ferramentas de bioinformática têm papel relevante no ensino de conceitos evolutivos no ensino médio e são facilitadoras da compreensão da diversidade da vida e da história evolutiva das espécies, tornando as aulas mais significativas e facilitadoras do ensino-aprendizagem contribuindo para a alfabetização científica e a capacidade de interpretação crítica baseada em evidências. Essas tecnologias tornam teorias abstratas em representações visuais, facilitando a superação de equívocos sobre mecanismos evolutivos. A integração da bioinformática nas aulas potencializa o ensino de evolução, tornando o ensino mais atual e significativo. No entanto, sua implementação efetiva depende de investimento nas infraestruturas escolares e na formação continuada dos professores. O ensino da evolução todavia, ainda, necessita enfrentar obstáculos pedagógicos e emocionais.

**Palavras-chaves:** Bioinformática; Ensino de evolução; sequências de aulas; história das pandemias; alfabetização científica.

## ABSTRACT

This study investigated the contributions of using bioinformatics tools in a playful manner to teaching and learning about evolution, from the perspective of the histories of pandemics caused by the bacterium *Yersinia pestis* as an evolutionary model. A qualitative-quantitative approach with a descriptive methodology was adopted, applying a sequence of lessons divided into four stages, which involved initial and final questionnaires. The genetic sequences and the phylogenetic tree generated in the lessons allowed students to visualize historical processes of the three *Y. pestis* pandemics. Initially holding a typological view, the students progressed to a contemporary understanding, recognizing genetic changes over time and correlating them with variations in the COVID-19 pandemic virus. Bioinformatics tools play a relevant role in teaching evolutionary concepts in high school and facilitate the understanding of life's diversity and the evolutionary history of species, making classes more meaningful and enhancing teaching-learning, thereby contributing to scientific literacy and the ability for evidence-based critical interpretation. These technologies transform abstract theories into visual representations, helping to overcome misconceptions about evolutionary mechanisms. The integration of bioinformatics and active methodologies enhances the teaching of evolution, making it more current and meaningful. However, its effective implementation depends on investments in school infrastructure and ongoing teacher training. Nevertheless, the teaching of evolution still needs to overcome pedagogical and emotional obstacles.

**Keywords:** Active learning methodology; Teaching sequences; History of pandemics; Scientific literacy.

## SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO.....	12
2. OBJETIVOS.....	18
3. FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA.....	19
4. METODOLOGIA.....	27
5. RESULTADOS E DISCUSSÕES.....	36
6. CONCLUSÕES.....	62
7. REFERÊNCIAS.....	64
8. APÊNDICES.....	71

## 1. INTRODUÇÃO

A Biologia Evolutiva é o campo da Biologia que se preocupa em estudar os processos e mecanismos pelos quais os seres vivos mudam ao longo do tempo, dando origem à diversidade da vida. Ela se concentra em entender como novas espécies surgem e como as relações entre os organismos mudam ao longo das gerações (Futuyma, 2002). De maneira simplificada, a evolução biológica pode ser definida como mudanças transmissíveis e herdáveis na forma e no desempenho dos organismos ao longo do tempo (Assunção, 2015).

A Evolução, por si só, é o termo utilizado para se referir à mudança que as populações sofreram ao longo das gerações. É um processo que ocorre no nível das populações e é impulsionado principalmente pelos mecanismos: seleção natural, deriva genética e mutação, esta última sendo a fonte primária da variabilidade genética (Mayr, 2002). As mutações, como base das variações genéticas, permitem a atuação efetiva dos outros mecanismos, que, por sua vez, levam à especiação e à formação da diversidade de espécies ao longo do tempo.

Assim, a evolução pode ser compreendida como alteração das frequências gênicas e genotípicas das populações ao longo do tempo. Inicialmente, as mutações promovem alterações nas sequências de DNA ou RNA <sup>1</sup>. Essas mutações podem ser sinônimas, quando não resultam em mudança na sequência de aminoácidos no processo de fabricação da proteína. Da mesma forma, essas mutações podem ser não sinônimas ou *missense*<sup>2</sup>, nas quais há uma alteração na sequência de aminoácidos, podendo afetar sua estrutura, função e estabilidade (Marques, 2012). Essas mutações podem ser detectadas nas sequências genômicas das espécies, já conhecidas e disponíveis, por exemplo, no banco de dados do *National Center for Biotechnology Information* (NCBI) disponível em <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>.

---

<sup>1</sup> Abreviação do inglês, “ácido desoxirribonucléico”, a substância cuja molécula em forma de dupla hélice é a base da hereditariedade e o principal componente dos cromossomos. RNA, ácido ribonucléico, substância aparentado com o DNA, do qual se diferencia por formar uma única fita simples e não ter o açúcar ribose..

<sup>2</sup> Do inglês, “com outro significado”. A extensão dos efeitos de uma mutação missense depende da importância do aminoácido alterado.

A seleção natural, mecanismo que explica como ocorrem as mudanças na proporção de características presentes nas populações ao longo do tempo, proposta por Charles Darwin, no século XIX, é tida na Biologia Evolutiva como um processo fundamental responsável pela evolução das espécies (Futuyma, 2007). A evolução entra em discussões interdisciplinares e está diretamente ligada ao nosso cotidiano, em temas, tais como: resistência de bactérias a antibióticos, mutação de vírus, ressurgimento de doenças outrora erradicadas, bem como o entendimento da biodiversidade existente no nosso planeta (Baldin, 2019), entre tantos outros, alguns abordados mais adiante.

Com a chegada da genômica comparativa e de novos métodos de identificação de biótipos historicamente identificados pela taxonomia, foi possível validar de forma coesa a dinâmica das populações. Porém, nem sempre os processos evolutivos são considerados nas discussões sobre os agrupamentos hierárquicos filogenéticos (Freitas, 2010; Rodrigues, 2018).

Contudo, o processo de ensino-aprendizagem do conteúdo de evolução apresenta desafios significativos em todos os níveis escolares, tanto pela complexidade inerente aos seus conceitos e à necessidade de integração de múltiplos campos da Biologia para explicar conceitos como seleção natural, variação genética e adaptação. Como também a complexidade a o nível de abstração desses conceitos que frequentemente levam a dificuldades e equívocos entre estudantes e professores (Araújo, 2020).

Entre esses desafios destaca-se a interpretação equivocada da evolução como um processo linear e progressivo desconsiderando sua natureza contingente e não direcional. Além disso, crenças político-religiosas tanto de professores quanto de estudantes, a carência de abordagens pedagógica que incluem os conceitos evolutivos a exemplos concretos, a visão reducionista e a percepção da evolução como um tema excessivamente abstrato e complexo dificultam a assimilação do conteúdo. Esses fatores comprometem a compreensão dos mecanismos da evolução biológica, mas ainda contribuem para o desinteresse e dificuldades de compreensão por parte dos discentes (Mayr, 2007; Bizzo, 2012; Pegoraro, 2016; Araújo, 2020; Sousa, 2025).

Paralelamente, o ensino da evolução enfrenta resistências extra-pedagógicas. Em diversos contextos culturais, a explicação científica da origem das espécies é confrontada por interpretações religiosas ou tradicionais, gerando disputas sobre o que deve ser ensinado nas escolas (Licatti, 2005).

Essa oposição não apenas desafia a legitimidade do conhecimento científico, mas também influencia a receptividade dos estudantes, especialmente quando a abordagem em sala de aula não articula teoria e prática de forma clara e contextualizada. Essa resistência também é intensificada por questões políticas, nas quais decisões sobre o conteúdo curricular podem ser influenciadas por pressões ideológicas. Em muitos contextos, as políticas educacionais são moldadas por grupos que buscam inserir suas próprias visões religiosas ou filosóficas nos currículos escolares. O impacto dessa interferência política é significativo, pois compromete a qualidade da educação e restringe o acesso dos alunos a informações científicas atualizadas e fundamentadas em evidências (Colli et al., 2022).

Aliado a isso, o conteúdo nos livros didáticos sobre o tema, geralmente, é insuficiente e contextualizado historicamente de maneira imprecisa, com excesso de termos técnicos, o que dificulta o pensamento crítico do conhecimento biológico (Silva, 2020).

Por outro lado, essas dificuldades podem ser superadas ou mitigadas com dados importantes relacionados às questões da Saúde Pública e da História (May, 1982; Dolgova, Lao, 2018). Por exemplo, a família *Yersiniaceae* constitui um modelo notável para investigações em evolução bacteriana (Kislichkina, 2025). A trajetória evolutiva desse grupo apresenta interesse científico e didático particular, sendo especialmente relevante para o ensino sobre as pandemias e a evolução das espécies (Ferreira, 2022).

A escolha do presente tema foi motivada por uma experiência prévia do pesquisador em um projeto de Iniciação Científica, no qual se trabalhou com a bactéria *Yersinia pestis*, de relevância sócio-histórica para o Brasil. Apesar de sua importância, a utilização desta bactéria como modelo para o desenvolvimento de atividades didática de bioinformática ainda é incipiente no contexto educacional brasileiro, configurando-se como uma proposta inovadora e com potencial pedagógico.

A *Yersinia pestis* é o membro mais conhecido por ser o agente etiológico da peste, uma doença zoonótica transmitida por pulgas que afeta uma variedade de espécies de animais, sendo endêmica em algumas regiões, como a República Democrática do Congo, Madagascar e Peru, estabelecendo-se em focos naturais (Almeida, et al., 2020). É responsável por grandes pandemias ao longo da história humana. A primeira pandemia, chamada de Peste de Justiniano, devastou o mundo civilizado entre 542 e 602 d.C. A segunda pandemia de peste começou na Ásia e atingiu a Europa e o Norte da África, hoje em dia ela é conhecida como Peste Negra. A terceira iniciou-se na província de Yunnan, na China, em 1855, e disseminou-se através do transporte marítimo para outros continentes, ficou conhecida como peste contemporânea. A peste foi introduzida no Brasil durante a atual pandemia, em 1899, criando focos naturais em diferentes regiões do país (Bramatti, et al. 2016; Vogler, et al. 2019; Almeida, et al. 2020).

O ensino de evolução nas escolas é considerado fundamental não apenas para o entendimento de diversos modelos explicativos da Biologia, mas também para a formação de cidadãos críticos, porque uma visão evolucionária do mundo é fundamental para a melhora das habilidades críticas, causais, históricas e relacionais nos processos mentais cognitivos (Falchetti, 2012). Uma vez que um grande número de fenômenos biológicos depende do pensamento evolutivo para serem contextualizados, dentre os quais destaca-se a evolução de doenças emergentes, capazes de causar pandemias.

Nesse cenário, estratégias atuais e inovadoras tornam-se essenciais para transformar o ensino em uma experiência engajadora e significativa (Araújo, 2017). O uso adequado deste conhecimento pode contribuir para a superação das dificuldades do ensino-aprendizagem tratadas nesta pesquisa.

As Tecnologias Digitais de Informação e Comunicação (TDIC) consistem em recursos tecnológicos que, quando integrados, possibilitam a automação de processos e a otimização da comunicação em diversos âmbitos, como negócios, educação e pesquisa científica. Essas tecnologias atuam como ferramentas capazes de coletar, distribuir e compartilhar informações de maneira eficiente (Mendes, 2008).

As TDIC atuam como mediadoras dos processos informacionais e comunicativos, oferecendo ferramentas que potencializam um ensino contextualizado (Benedetti, 2020). Favorecem a aplicação de metodologias ativas, colocando os estudantes como protagonistas do próprio conhecimento e promovendo seu engajamento. Por meio delas, os alunos podem vivenciar experiências diversificadas, utilizando recursos tecnológicos que simulam fenômenos biológicos por meios de comandos e instruções interativas.

Ferramentas como aplicativos educacionais, sites, softwares e a internet são essenciais para a educação atual, pois se alinham ao perfil dos estudantes modernos: nativos digitais, que desde cedo interagem com a tecnologia em seu dia a dia (Costa, 2015; Silva, et al. 2025) As ferramentas de bioinformática enquanto recurso tecnológico promotores de um ambiente lúdico, interdisciplinar, dinâmico, facilitador e diversificador do aprendizado de evolução. Segundo Martins; Tavares e Lencastre, (2017) a bioinformática é uma ferramenta que permite preparar os estudantes para as questões emergentes da biologia no século XXI.

A Bioinformática pode ser entendida como qualquer técnica computacional aplicada ao estudo de sistemas biológicos, ela representa uma área de saber interdisciplinar que visa investigar e desenvolver sistemas que contribuam para a compreensão do fluxo de informações, desde os genes até as estruturas moleculares e sua consequente influência nas enfermidades, na saúde e nos estudos ambientais (Verli, 2014).

Nessa instância, o uso de plataformas computacionais de bioinformática representa uma oportunidade de ferramenta de ensino-aprendizagem. Nesse contexto, plataformas computacionais representam não apenas ferramentas de ensino-aprendizagem, mas também uma aplicação prática das TDIC definidas por Mendes (2008) como recursos tecnológicos que, integrados, automatizam e potencializam a comunicação em processos educacionais e científicos, além de facilitar a disseminação de informações.

Aliado a isso, a bioinformática possibilita a síntese de uma grande quantidade de informações em árvores evolutivas – os cladogramas, também chamados de filogenias –, nas quais são dispostas as relações de parentesco entre

grupos biológicos, baseadas na modificação de seus atributos ao longo do tempo. Os cladogramas correspondem a hipóteses sobre a evolução dos grupos. Seu uso pode facilitar a introdução de conceitos relativos à construção, corroboração ou refutação de hipóteses científicas, aproximando os estudantes da prática e da natureza da ciência biológica (Santos, 2007).

Como uma área emergente, a bioinformática simplifica desafios complexos da Biologia por meio de algoritmos, modelagem e softwares especializados, transformando abstrações teóricas em soluções tangíveis (Araújo et al. 2008). Sua integração ao ensino não apenas moderniza a abordagem pedagógica, mas também aproxima os estudantes de práticas científicas contemporâneas (Mendes, 2008).

A ideia central é contribuir para aproximar o conteúdo de evolução aos contextos reais e históricos, oferecendo aos professores e estudantes ferramentas práticas e teóricas que possam auxiliar na superação das dificuldades tradicionalmente enfrentadas nessa área do conhecimento. A partir da análise da história das sequências genômicas de representantes de *Yersinia*, responsáveis pelas grandes pandemias, seus padrões e variações moleculares organizados linearmente, de forma acessível que podem ser utilizados como ferramenta pedagógica, aliado a isso , busca-se contextualizar uma aprendizagem cheia de significados e com sentido visando à formação de estudantes críticos e independentes e capazes de ampliar sua percepção científica e social em um mundo marcado por constantes transformações e crescente conectividade.

## **2. OBJETIVOS**

A seguir, apresenta-se os objetivos gerais e específicos da pesquisa.

### **2.1. OBJETIVO GERAL**

Realizar uma pesquisa de ensino sobre as contribuições do uso de ferramentas de bioinformática no ensino e aprendizagem de evolução envolvendo a temática pandemias causadas pela bactéria *Yersinia pestis*.

### **2.2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS**

- A.** Planejar e desenvolver sequências de aulas sobre evolução, pandemias e bioinformática, utilizando como estudo de caso as pandemias provocadas pela bactéria *Yersinia pestis*, e elaborar os instrumentos de avaliação (questionários pré e pós-aula) para analisar a aprendizagem dos discentes em relação aos conteúdos de evolução.
- B.** Análise interpretativa quali-quantitativa das respostas dos discentes sobre os conteúdos de evolução trabalhados nos questionários prévio e posterior as sequências de aulas;
- C.** Avaliar a percepção dos discentes (atitudes, expectativas e dificuldades) e identificar as potencialidades e contribuições da aplicação de ferramentas de bioinformática, utilizando como estudo de caso as pandemias de *Yersinia pestis*, para o ensino e aprendizagem de evolução no ensino médio.

### **3. FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA**

#### **3.1. A EDUCAÇÃO BÁSICA E O ENSINO DA EVOLUÇÃO**

A Base Nacional Comum Curricular (BNCC) é um documento de caráter normativo que define as diretrizes da educação básica no Brasil, orientando os currículos escolares em todo o país (Brasil, 2018). Esse documento trata o ambiente escolar como um lugar para desenvolver competências e habilidades em nossos alunos que transcendem as disciplinas curriculares, diferentemente de abordagens tradicionais (Gomes; Henrique; Mendes, 2008).

A BNCC propõe que o tema evolução seja abordado nos anos finais, na unidade vida e evolução, na habilidade EF09CI10, sendo os principais aspectos a compreensão da ideia de evolução biológica e a diversidade das espécies com base em evidências (fósseis, anatomia comparada, embriologia e DNA).

A BNCC se propõe a tratar ideias como a hereditariedade de Mendel, comparar as ideias evolucionistas de Darwin e Lamarck. Já no ensino médio a evolução é abordada com maior profundidade e complexidade no componente Biologia dentro da área de Ciências da Natureza e suas Tecnologias.

As diretrizes para a área de Ciências da Natureza que permeiam todo o ensino básico para Ciências e Biologia enfatizam o desenvolvimento de competências que permitam aos estudantes compreender fenômenos naturais, bem como o funcionamento do mundo, também devem contemplar o ensino de concepções científicas atualizadas utilizando esses conhecimentos em situações práticas reais e tomar decisões informadas sobre questões socioambientais (Brasil, 2018).

#### **3.2. BNCC e TECNOLOGIAS DIGITAIS**

Na BNCC, ela enxerga que o uso de tecnologias que vão muito além do que simplesmente "usar computadores na sala de aula". Ela propõe a criação de uma cultura digital que permeia todo o processo de ensino e aprendizagem. Ela comenta ainda que é necessário promover a alfabetização e o letramento digital, tornando

acessíveis as tecnologias e as informações que circulam nos meios digitais e oportunizando a inclusão digital (Bncc, 2018). A BNCC estabelece 10 competências gerais que todos os alunos devem desenvolver ao longo da Educação Básica e a competência 5 é dedicada à cultura digital:

Compreender, utilizar e criar tecnologias digitais de informação e comunicação de forma crítica, significativa, reflexiva e ética nas diversas práticas sociais (incluindo as escolares) para se comunicar, acessar e disseminar informações, produzir conhecimentos, resolver problemas e exercer protagonismo e autoria na vida pessoal e coletiva (Bncc, 2018).

Neste modelo de ensino, a tecnologia não é um extra mas sim um meio pelo qual as habilidades de pesquisa, crítica, colaboração e criação dos alunos são elaboradas e desenvolvidas.

### **3.3. DIFICULDADES NO ENSINO DE EVOLUÇÃO**

Contudo, o ensino da evolução tem enfrentado desafios significativos tanto no contexto acadêmico quanto na sociedade em geral, especialmente na última década, em parte devido à nova onda de negacionismo científico, que ganhou força em diversos setores da sociedade, muitas vezes impulsionado por movimentos políticos e religiosos, convergindo para falsas concepções, que dão origem a más interpretações, refletindo-se em aprendizado deficiente e na perpetuação de interpretações incorretas sobre a evolução (Nobre et al., 2017; Sousa et al., 2025).

Segundo Futuyma (2007), os conceitos trabalhados na evolução biológica e nas crenças (religiosas ou não) e valores culturais devem coexistir de forma harmônica e autônoma. Ao mesmo tempo, o autor alerta que confundir essas esferas é prejudicial ao ensino público de qualidade.

As crenças político-religiosas, tanto de professores quanto de estudantes, podem interferir na aceitação de conceitos específicos das ciências, principalmente da evolução. Outra dificuldade encontrada é que o ensino da evolução pode ser, muitas vezes, interpretado como algo abstrato ou complexo, o que pode gerar equívocos quanto à interpretação dos processos evolutivos (Araújo, 2020; Bizzo, 2012; Sousa,

2025).

Considerando esses obstáculos, é essencial reconhecer que a evolução é um eixo central para o entendimento de diversos temas das ciências biológicas. É importante destacar que, devido à Biologia se apresentar como um sistema de informações complexo, sendo necessária a atuação de várias áreas do conhecimento para explicar um único fenômeno, o docente deve trabalhar os conceitos de maneira transdisciplinar, explorados tanto na estruturação curricular quanto em abordagens de novas estratégias didáticas direcionadas para intervenções em sala de aula (Corrêa, 2010; Nobre, 2017).

Sousa (2025) destaca a importância de estratégias pedagógicas que conectem conceitos científicos à realidade dos alunos, respeitando suas crenças individuais, mas, acima de tudo, garantindo uma instrução científica adequada.

É essencial romper com o pensamento fixista, linear e cartesiano ainda dominante nas escolas e na sociedade. A educação deve adotar métodos globalizadores e transdisciplinares, como instrumentos para tornar a prática educativa mais eficaz, contextualizar saberes e capacitar os estudantes com habilidades e atitudes para enfrentar problemas e encontrar soluções criativas (Baldin, 2019).

O conteúdo de evolução é considerado um eixo integrador das Ciências Biológicas. Ao longo dos anos, consolidou-se como o paradigma central da Biologia, transformando-se em um campo vasto e interdisciplinar, com impactos significativos em diversas áreas do conhecimento (Mayr, 2002).

A transdisciplinaridade surge como um caminho para romper com a rigidez do ensino tradicional, promovendo conceitos significativos e o pensamento complexo. Essa perspectiva permite contextualizar os saberes, desenvolver uma visão crítica e, sobretudo, integrar os conhecimentos à realidade dos alunos (Freire, 1996; Maturana, 2001; Varela, 2001).

É necessária uma atuação pedagógica com enfoque globalizador, na qual o objeto de estudo na escola deve ser a realidade, e os processos de ensino devem favorecer ao máximo o estabelecimento do maior número possível de relações entre os diferentes conteúdos aprendidos (Morin, 2006; Zabala, 2002).

Nesse contexto, está inserida a escola e o ensino do conteúdo de evolução, que atuam como mediadores desse processo de aprendizagem e auxiliam na compreensão dos termos apresentados aos alunos. Por tanto, como eixo unificador dos conhecimentos biológicos a evolução deve ser explorada nas estruturações curriculares e nas abordagens estratégicas didáticas direcionadas, ficando a cargo da escola a responsabilidade por apresentar os conceitos básicos da evolução biológica, bem como as suas teorias, os seus teóricos e as suas evidências (Liporrini, 2014).

De acordo com Ridley (2006), a história da evolução começa com a publicação do livro a Origem das espécies escrito por Charles Darwin, mais ainda, segundo Futuyma (2007) a perspectiva evolutiva escrita por Charles Darwin abalou os fundamentos da Filosofia e deixou a marca na Literatura e nas Artes, afetou profundamente a Psicologia e a Antropologia e trouxe perspectivas inéditas ao significado de ser humano. Poucas descobertas científicas tiveram um impacto tão abrangente e desafiador no pensamento humano.

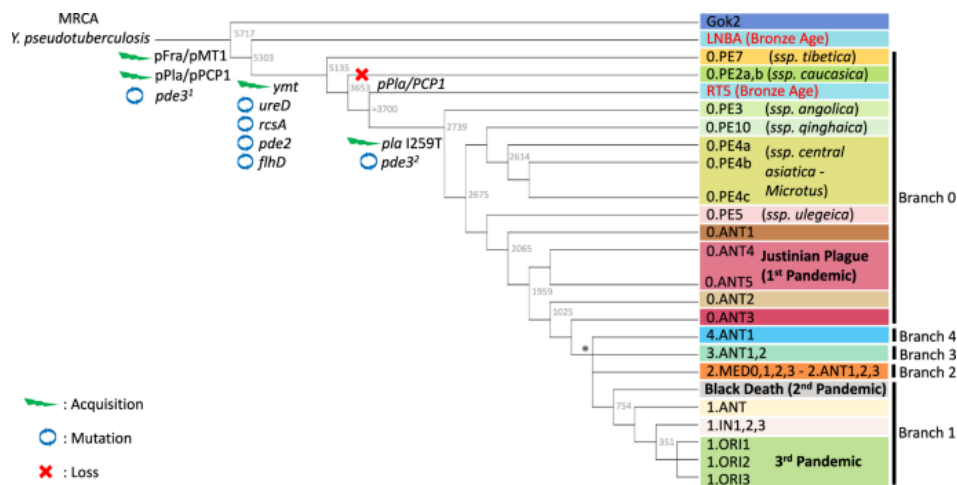
Mayr (2002, p.5) fala que a evolução é o conceito mais disruptivo da história da Ciência Biológica:

A substituição do pensamento tipológico pelo pensamento populacional talvez seja a maior revolução conceitual que ocorreu na biologia. Muitos conceitos básicos da teoria sintética, como a seleção natural e a população, não têm sentido para o tipologista. Virtualmente toda controvérsia mais profunda no campo da evolução ocorreu entre o tipologista e o populacionista. Mesmo Darwin, que foi mais responsável do que qualquer outro pela introdução do pensamento populacional em biologia, frequentemente recorria ao pensamento tipológico, por exemplo em suas discussões sobre variedades e espécies (Mayr, 2002).

Pois a ideia promovida por Charles Darwin e os pesquisadores que se sucederam demonstra como houve uma ruptura com as explicações pré-darwinianas que dominavam na época, por meio do pensamento populacional. Os pensamentos pré-darwinianos, também chamados de essencialistas e tipológicos, ideias originadas dos pensamentos de Platão e Aristóteles, afirmavam que a imensa variabilidade observada no mundo não passava de uma ideia ilusória. Para eles, a variação é uma ilusão e somente o 'tipo' (*eidos*) é real. Enquanto que, no pensamento populacional, todos os organismos e fenômenos orgânicos podem ser descritos coletivamente em

termos estatísticos, ou seja, o ‘tipo’ passa a ser representado por um modelo nulo ou inicial e apenas a variação é real (Mayr, 1977; Mayr, 2005; Futuyma, 2007; Andrews, 2010).

O ensino dos conteúdos de evolução em sala de aula deve ser contínuo, inovador e aperfeiçoado simultaneamente, assim como, por exemplo, uma árvore genealógica das ciências genômicas das espécies de *Yersinia pestis* (Demeure et al., 2019) (Figura 1) e sua versão simplificada pode ser elaborada para o Ensino Médio.



**Figura 01** - Representação esquemática da genealogia de *Y. pestis*, incluindo (0–4) ramos filogenéticos e os biovars (ANT: Antiqua, MED: Medievalis, ORI: Orientalis, IN: Intermediário, PE: Pestoides). O nó indicado como um asterisco marca a politomia conhecida como “Big Bang”, que deu origem às três pandemias de peste historicamente registradas.

### 3.4. TECNOLOGIAS DIGITAIS COMO INSTRUMENTOS MEDIADORES DA APRENDIZAGEM E FERRAMENTAS DE BIOINFORMÁTICA

As Tecnologias digitais da Informação e Comunicação (TDICs) podem ser definidas como o conjunto total de tecnologias permitindo a produção, o acesso e a propagação de informações, além de serem tecnologias que permitem a comunicação entre pessoas. Com a evolução tecnológica ao longo dos anos, surgiram novas ferramentas, que foram disseminadas pelo mundo como formas de difusão de conhecimento e facilitaram a comunicação entre as pessoas, independentemente de distâncias geográficas (Rodrigues et al., 2014).

As tecnologias digitais da Informação e Comunicação (TDIC) provocaram transformações fundamentais na existência e formas de socialização humana, atuam como mediadoras dos processos informacionais e comunicativos e são apontadas como instrumentos mediadores para a educação no século XXI (Kenski, 2003). Os estudantes da geração atual já se encontram inseridos em uma sociedade que tem se organizado e funcionando cotidianamente em torno das tecnologias digitais. Os alunos já nascem sendo nativos digitais, com habilidades para usar as TDIC além de se relacionar com outras pessoas por meio delas (Costa, 2015).

A tecnologia tornou-se parte integrante da vida das pessoas, muitas vezes sem que elas percebam como suas relações e interações são permeadas e influenciadas por esses instrumentos contemporâneos. Diante disso, é necessário repensar o papel da escola nesse contexto. O uso das TDIC abre possibilidades para novas formas de aprender e ensinar.

Enquanto recursos tecnológicos elas são usadas para obter, processar e gerar informações que são tornadas acessíveis por meio das redes de comunicação. A tecnologia da informação, aplicando recursos de desenvolvimento de software, provê funcionalidades ao hardware, que integrado ao sistema de comunicações oferecerá serviços à sociedade, beneficiando pessoas, indústria, governo e empresas produzindo e consumindo informações, usando as TDIC, para melhorar os processos decisórios, a eficiência e a qualidade de vida.

A bioinformática surge como um instrumento essencial para capacitar estudantes a enfrentar os desafios contemporâneos da biologia moderna, integrando conhecimentos biológicos com análise computacional de dados (Martins, Tavares, Lencastre, 2017).

A bioinformática pode ser entendida como o estudo de técnicas computacionais aplicadas ao estudo de sistemas biológicos para a geração e gerenciamento de bioinformação. Busca oferecer uma percepção multidisciplinar, abordando aspectos relacionados a sequências de nucleotídeos e aminoácidos quanto à estrutura e dinâmica de proteínas (Verli, 2014).

A bioinformática é um recurso importante para o estudo e ensino de forma inovadora e atrativa para a visualização e interpretação de fenômenos biológicos. Em

associação com as TDIC a bioinformática poderá apontar para a diversidade de recursos e uso de metodologias variadas, que podem estimular o aluno a uma participação ativa, desenvolvendo habilidades, diversificando os espaços de construção do conhecimento e revolucionando processos do ensino-aprendizagem (Locatelli, 2020; Vieira, 2003).

### **3.5. *Yersinia pestis* e as pandemias históricas de peste**

A bactéria *Yersinia pestis* é a responsável pela peste, uma doença zoonótica transmitida por picadas de artrópodes, contato com animais infectados, ingestão de alimentos, água contaminada, exposição a ambientes hospitalares e procedimentos médicos. A peste ainda é endêmica em algumas regiões do planeta como a República Democrática do Congo, Madagascar e Peru, estabelecendo-se em focos naturais (Almeida, et al. 2020).

Conhecida desde a antiguidade, provavelmente originada no Planalto Central Asiático (Pollitzer, 1954), a peste causou grandes pandemias ao longo da história humana, a primeira pandemia, chamada de Peste de Justiniano, devastou o mundo civilizado entre 542 e 602 d.C. A segunda pandemia de peste começou na Ásia e atingiu a Europa e o Norte da África, perdurando do século XIV ao XVI. Ela ceifou a vida de um terço da população europeia no período de 1346 a 1353 d.C, que, hoje em dia, é comumente conhecido como Peste Negra (Bramatti, et al. 2016; Almeida, et al. 2020). A peste foi introduzida no Brasil durante a atual pandemia, em 1899, que iniciou-se na província de Yunnan, na China, em 1855, e disseminou-se através do transporte marítimo para outros continentes, criando focos naturais em diferentes países (Vogler, et al. 2019).

Apesar dos avanços científicos e tecnológicos, a peste ainda representa um problema de saúde pública, porque persiste em vários focos naturais em diversos países da África, Ásia e Américas, além de não existir uma vacina totalmente eficaz e pelo fato de ser classificada como um agente classe A para o bioterrorismo.

O gênero *Yersinia* inclui um total de 14 espécies: *Yersinia pestis*, *Yersinia pseudotuberculosis*, *Yersinia enterocolitica*, *Yersinia aldovae*, *Yersinia mollareti*,

*Yersinia bercovieri*, *Yersinia frederiksenii*, *Yersinia kristensenii*, *Yersinia intermedia*, *Yersinia rohdei* e *Yersinia ruckeri*. Desse grupo, apenas a *Y.pestis*, *Y.pseudotuberculosis* e *Y.enterocolítica* são enteropatogênicas para o homem e outros animais. No homem, o quadro clínico foi denominado Yersiniose (Almeida, et al. 2020).

A Yersiniose é uma infecção bacteriana que geralmente as manifestações clínicas provoca sintomas gastrointestinais como diarreia, além de febre, dores abdominais e náuseas (Le Guern, 2016). *Yersinia* é a terceira causa de diarreia bacteriana na Europa (EFSA Journal, 2025).

Já a *Y.pestis* ela possui uma maior letalidade, por causar a peste uma infecção grave que frequentemente afeta linfonodos e/ou pulmões (Bush, Pertejo, Tesini, 2025). No homem, a doença pode apresentar-se em três formas clínicas principais: bubônica, pulmonar e septicêmica (Butler et al., 1983).

De acordo com análises bioquímicas, as cepas de *Y.pestis* podem ser classificadas em quatro variedades, de acordo com a capacidade de fermentar o glicerol, arabinose e reduzir o nitrato a nitrito. Cada variedade corresponde a uma distribuição geográfica diferente, existem quatro biovars principais que podem ser vistos no quadro 1 (Barros, 2012).

**Quadro 1 - Variedades ou biovars das cepas de *Y.pestis***

<b>Variedades</b>	<b>Nitrato</b>	<b>Glicerol</b>	<b>Arabinose</b>	<b>Distribuição Geográfica</b>
<b>Antiqua</b>	+	+	+	<b>África</b> (Zaire, Quênia, Tanzânia); <b>China</b> (Manchúria, Mongólia);
<b>Medievalis</b>	-	+	+	<b>Rússia; Kurdistão;</b>
<b>Oceânica ou orientalis</b>	+	-	+	<b>Ásia</b> (Índia, Birmânia, Vietnam, Tailândia, Cambodja); <b>África</b> (África do Sul, Madagascar); <b>América</b> (Estados Unidos, Bolívia, Brasil, Equador, Perú).
<b>Microtus</b>	-	+	+	<b>China</b>

Fonte: Almeida et al. 2002; Barros, 2012

Portanto, a família *Yersiniaceae* constitui um modelo notável para investigações em evolução bacteriana. A trajetória evolutiva desse grupo apresenta particular interesse científico e didático, sendo especialmente relevante para o ensino de evolução(Ferreira, 2022 ; Kislichkina, 2025).

#### **4. METODOLOGIA**

Este trabalho caracteriza-se como uma pesquisa de abordagem quali-quantitativa. Segundo Minayo (2009), a pesquisa qualitativa é aquela que busca compreender realidades que não podem ser quantificadas, dando ênfase à realidade dos significados, levando em consideração as crenças e valores dos entrevistados. Já a abordagem quantitativa se faz presente na análise dos dados numéricos obtidos por meio das respostas dos estudantes, permitindo mensurar determinados aspectos do fenômeno estudado.

Adicionalmente, trata-se de uma pesquisa de natureza descritiva. Conforme Gil(2002) O dado descritivo tem como objetivo principal descrever as características de populações, grupos ou fenômenos, utilizando instrumentos como questionários e formulários para a coleta de dados.

Podemos definir uma pesquisa/método descritivo como aquela pesquisa que tem como objetivo básico descrever as características de populações e de fenômenos, utilizando questionários e formulários (Gil, 2002, p. 131):

As pesquisas descritivas têm como objetivo básico descrever as características de populações e de fenômenos. Muitos dos estudos de campo, bem como de levantamentos, podem ser classificados nessa categoria. Nos levantamentos, contudo, a preocupação do pesquisador é a de descrever com precisão essas características, utilizando instrumentos padronizados de coleta de dados, tais como questionários e formulários, que conduzem a resultados de natureza quantitativa [...]

Gil (2022) traz também uma definição clara de abordagem quali-quantitativa, o que, segundo o autor, seria um delineamento convergente:

O delineamento convergente caracteriza-se pela coleta e análise tanto de dados quantitativos quanto qualitativos durante a mesma etapa do processo de pesquisa, seguida da fusão dos dois conjuntos de dados em uma interpretação geral. Seu propósito é o de obter dados diferentes, mas complementares, sobre o mesmo tópico, para melhor entender o problema de pesquisa. O que se pretende com esse delineamento é aliar as vantagens dos métodos quantitativos (amostragem representativa, quantificação, generalização etc.) às vantagens dos métodos qualitativos (pequenas amostras, profundidade etc.) [...] (Gil, 2022, p. 166).

Foi realizado uma pesquisa exploratória na web de literaturas acadêmicas com discussões sobre evolução, ensino de evolução, dificuldades no aprendizado de evolução, como também, o ensino-aprendizagem por meio de ferramentas de bioinformática, o ensino de pandemias e *Yersinia pestis*. A pesquisa exploratória foi realizada priorizando repositórios como Google Acadêmico, SciELO e Periódicos CAPES, observando-se como critério de inclusão artigos dos últimos 10 anos, porém, não se limitando totalmente a este critério.

#### **4.1. CONTEXTO DE PESQUISA E APRESENTAÇÃO DA PROPOSTA**

O estudo foi desenvolvido em uma escola pública estadual de referência em ensino médio, situada em uma área urbana da cidade do Recife, Pernambuco - Brasil.

Para realização da pesquisa, foram necessárias visitas à escola no período de junho a julho do ano corrente, divididas em quatro encontros distintos. O processo de ensino-aprendizagem de evolução foi aplicado em uma turma do 3º ano do Ensino Médio, composta por 22 estudantes participantes.

O estudo teve como pauta uma abordagem observacional, na qual o pesquisador assumiu o papel de observador não participante. Este delineamento metodológico foi eleito por assegurar a ausência de interferência direta na sala de aula, preservando, assim, a autenticidade dos fenômenos investigados. Conforme preceituam os parâmetros éticos em pesquisa, tal postura garantiu que não fossem causados quaisquer riscos ou desconfortos aos participantes, limitando a atuação do investigador à coleta passiva de dados. Para legitimar o processo e garantir o estrito cumprimento dos protocolos éticos e institucionais, toda a etapa de coleta de dados foi

conduzida sob a supervisão e anuência prévia do docente responsável pela turma. A presença do professor também teve por finalidade proporcionar um ambiente de maior segurança e normalidade aos discentes envolvidos na pesquisa.

A proposta envolveu o uso de uma sequência de aulas voltada ao processo de ensino-aprendizagem sobre o tema “evolução” sendo utilizada como uma estratégia para revisar e complementar conteúdos da parte de genética básica, história, e evolução, conforme previsto na grade curricular do ensino médio alinhados à BNCC.

Durante o segundo encontro, foi aplicado um questionário diagnóstico com perguntas abertas e fechadas, a fim de identificar os conhecimentos prévios dos alunos sobre os temas abordados.

No terceiro encontro, realizou-se a aula expositivo-dialogada com aplicação da sequência de aulas, envolveu momentos expositivos, atividades práticas no laboratório de informática e discussões em grupo.

Já o quarto encontro foi destinado à aplicação de um questionário final. Em todos os momentos foram coletados relatos orais e escritos dos estudantes sobre a experiência.

Os instrumentos utilizados para a coleta de dados incluíram questionários, registros fotográficos, observações diretas e relatos dos próprios alunos, os quais foram analisados com base em critérios qualitativos e quantitativos.

## **4.2. ASPECTOS ÉTICOS**

Na primeira visita à instituição, os professores, à coordenação pedagógica e aos estudantes participantes, foram apresentados ao projeto, aos objetivos, às etapas de pesquisa, bem como à proposta pedagógica. Nessa ocasião, foi entregue o Termo de Consentimento Livre e Esclarecido (TCLE), conforme pode ser visto no apêndice D. Que deveria ser assinado pelos pais ou responsável legal, do total de 24 estudantes convidados a participar do estudo, 22 aceitaram participar. Os participantes foram informados de que sua participação era voluntária, e que poderiam desistir a qualquer momento, sem qualquer prejuízo acadêmico ou pessoal.

### 4.3. ETAPAS DA PESQUISA

O presente estudo faz parte de uma pesquisa de ensino realizada com a proposta de criação e aplicação de sequências de aulas. Para tal, foi proposto a utilização de ferramentas de bioinformática no ensino-aprendizagem dos conteúdos de evolução, a partir da temática das pandemias provocadas pela bactéria *Yersinia pestis*.

#### 4.3.1. CRIAÇÃO DA SEQUÊNCIA DE AULAS

O quadro 2 refere-se à criação da sequência de aulas com a utilização das ferramentas de bioinformática com o propósito do ensino-aprendizagem de conteúdos de evolução. A sequência de aulas descrita foi elaborada com base nas metodologias propostas por (Marcelino; Silva, 2018).

**Quadro 2.** Sequência de aulas sobre o conteúdo das ferramentas de bioinformática

Sequência de aulas – Ensino de evolução	
<p><b>Aula 01 - 50 minutos</b></p> <p>Introdução ao tema Ao final da aula os estudantes deverão:</p> <ul style="list-style-type: none"><li>• Conhecer o conceito de evolução, mecanismos que levam a evolução, História do pensamento evolutivo, pandemias, bioinformática e <i>Yersinia pestis</i>.</li><li>• Investigar fenômenos do cotidiano relacionados ao tema.</li></ul>	<p>No primeiro momento de aula os discentes realizaram o preenchimento de um questionário diagnóstico (Apêndice A) contendo perguntas sobre informática, pandemias e conceitos de genética e evolução com o objetivo de identificar os conhecimentos iniciais sobre os tópicos a serem trabalhados, esses dados serviram como base para o delineamento das atividades.</p> <p>Em seguida foi iniciada a aula expositiva dialogada sobre a pandemia da <i>Yersinia pestis</i>, conteúdos de evolução e de bioinformática. A aula foi iniciada com um questionamento aos estudantes, foi feita a pergunta “ De onde surgiu a diversidade de organismos no planeta terra? ” A partir das reflexões o docente explicou o conteúdo a ser trabalhado.</p> <p>Foi passado os vídeos de páginas de divulgação científica tanto brasileiras quanto de outras línguas:</p> <ul style="list-style-type: none"><li>▶ How Evolution Works (And How We Figure...</li><li>▶ 4,6 Bilhões de anos em 50 minutos: A histór...</li></ul> <p>Os estudantes deveriam apresentar problemas</p>

	do cotidiano relacionados à temática da aula e tentar explicar como a temática da aula atual nesse problema.
<p><b>Aula 02 - 50 minutos</b></p> <p>Sequência de aulas com ferramentas de bioinformática</p> <p>Ao final da aula os estudantes deverão:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• O que é uma sequência nucleotídica, além do que é um DNA e um RNA.</li> <li>• Entender a importância das bases de dados, como o conhecimento científico é produzido, organizado e compartilhado.</li> <li>• O papel da bioinformática na ciência contemporânea</li> </ul>	<p>No laboratório de informática, os estudantes realizaram uma atividade lúdica chamada: “busca da sequência perdida”, na qual buscaram sequências nucleotídicas de bactérias no NCBI (Figura 02). Por meio dessa análise, os alunos exploraram a interface da ferramenta e aprenderam suas principais funcionalidades, além de conceitos fundamentais, como bancos de dados biológicos, estrutura de sequências gênicas e sua relação com a síntese proteica.</p> <p>Em seguida o docente discutiu com os alunos sobre o que foi descrito por eles refletindo erros e acertos.</p>
<p><b>Aula 03 - 50 minutos</b></p> <p>Sequência de aulas com ferramentas de bioinformática</p> <p>Ao final da aula os estudantes deverão:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Conhecer o que é um alinhamento de sequências, o que é uma árvore filogenética;</li> <li>• Indicar fatores que podem alterar a sequência nucleotídica;</li> <li>• Elaborar um modelo de árvore filogenética;</li> <li>• Entender a importância e como as ferramentas de computação validam o conhecimento científico.</li> </ul>	<p>No laboratório de informática os estudantes realizaram a atividade lúdica “comparação das sequências” com sequências genômicas selecionadas. O programa Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA), versão 11.0.13 (Figura 03), foi apresentado e, na sequência, os discentes utilizaram a ferramenta de alinhamento entre as sequências previamente selecionadas, na etapa inicial, tudo com auxílio do docente. Os alunos puderam explorar a interface da ferramenta e aprender algumas das suas principais funcionalidades, ao mesmo tempo que permite ao docente reforçar alguns conceitos essenciais.</p> <p>Em seguida o docente discutiu com os alunos sobre o que foi descrito por eles refletindo erros e acertos.</p>
<p><b>Aula 04 - 50 minutos</b></p> <p>Revisão e contextualização</p> <p><b>Ao final da aula os estudantes deverão:</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Contextualizar o conhecimento aprendido no seu cotidiano.</li> <li>• Visualizar como o conhecimento é cobrado em vestibulares.</li> </ul>	<p>Após a realização da sequência didática, os discentes participaram de uma roda de diálogo para troca de opiniões e construção dos saberes sobre a importância desses conhecimentos tanto para a sua formação acadêmica e vivências sociais. Em seguida, foi utilizado a plataforma de aprendizado <i>Wayground</i>(<a href="https://wayground.com/">https://wayground.com/</a>), que permitiu criar alguns games utilizando questões de vestibulares envolvendo o tema.</p> <p>Posteriormente, foi aplicado um questionário eletrônico, construído no <i>Google Forms</i> (Apêndice A), para avaliar as experiências de aprendizagem e o aproveitamento das</p>

	ferramentas. As respostas foram tabuladas em planilhas do Excel (2025, versão 15.0) e contabilizadas.
--	---

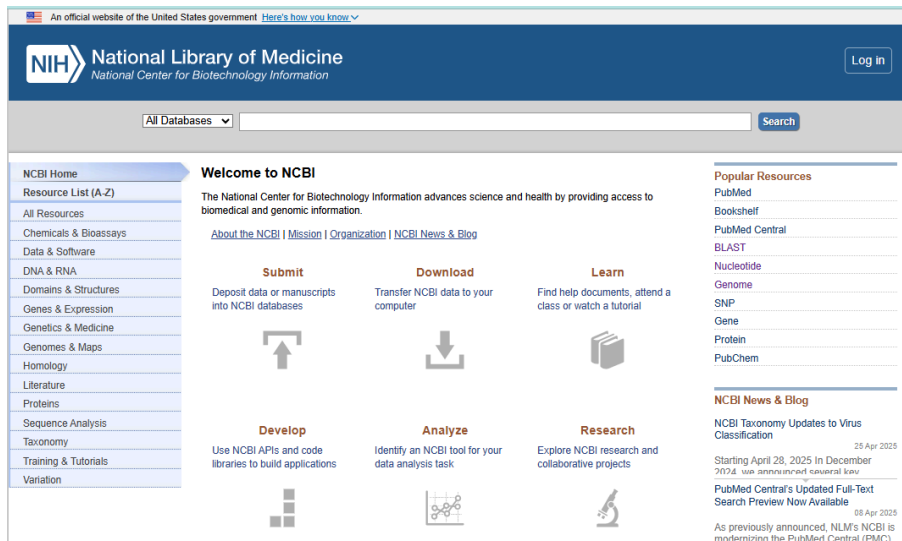
Fonte: O autor

#### **4.3.2. APLICAÇÃO DA SEQUÊNCIA DE AULAS**

Os discentes realizaram as atividades no auditório e no laboratório de informática da instituição, em duplas e/ou trios, com assistência do pesquisador. Os encontros foram realizados em quatro momentos, de uma hora-aula cada, com duração de 50 minutos. Cada etapa da sequência didática foi realizada de acordo com o Quadro 1.

Na aula 01 os estudantes realizaram o preenchimento de um questionário diagnóstico construído no *Google Forms* (Apêndice A), Tal questionário teve como objetivo fazer um diagnóstico dos conhecimentos prévios dos alunos sobre o tema. Em seguida foi iniciada a aula expositiva dialogada sobre a pandemia da *Yersinia pestis*, conteúdos de evolução e de bioinformática.

Logo após, os estudantes realizaram uma atividade lúdica chamada: “busca da sequência perdida”, na qual buscaram sequências nucleotídicas de bactérias no NCBI (Figura 02).

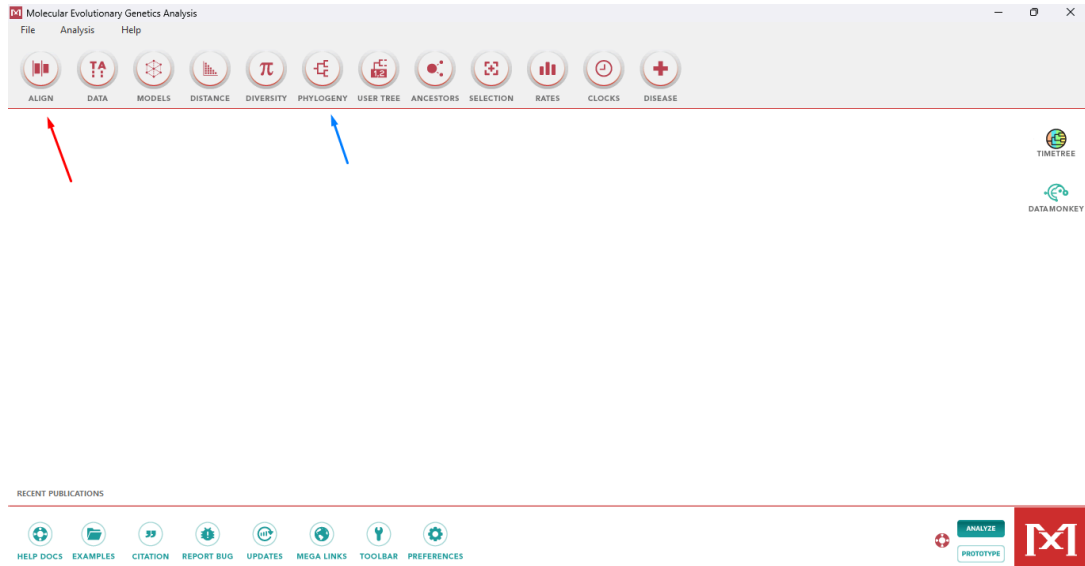


**Figura 02:** Primeira etapa, atividade lúdica, “busca das sequências perdidas”, para explorar a página principal do NCBI, e encontrar sequências nucleotídicas de representantes de *Yersinias pestis* das três grandes pandemias. Fonte: o Autor

Com o objetivo de facilitar o processo, algumas sequências foram previamente disponibilizadas pelos docentes. Trechos de sequências conhecidas de nucleotídeos, representantes das três grandes pandemias causadas pela *Yersinia pestis*, foram localizados a partir do gene *housekeeping* específico da bactéria: a sequência 16S rRNA ribossomal<sup>3</sup>, que é uma molécula de RNA de aproximadamente 1500 nucleotídeos, a qual compõe parte da subunidade ribossômica em procariotos. Essa sequência apresenta padrões que contêm regiões altamente conservadas, comuns a todos os procariotos, além de regiões hipervariáveis específicas de cada espécie, sendo um recurso-chave para estudos filogenéticos (Parello, 2020; Janda et al., 2007). Essas sequências podem ser observadas no Apêndice B.

Em seguida, os estudantes realizaram a atividade lúdica “comparação das sequências” com sequências genômicas selecionadas. O software Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA), versão 11.0.13 (Figura 03), foi apresentado e, na sequência, os discentes utilizaram a ferramenta de alinhamento entre as sequências previamente selecionadas, na etapa inicial.

<sup>3</sup> rRNA - RNA ribossômico (ribosomal RNA, em inglês), um tipo de RNA essencial no processo de síntese de proteínas nas células.



**Figura. 3** - Segunda etapa da sequência didática - SD, apresentação do software MEGA e das ferramentas de alinhamento (seta vermelha) e criação de árvores filogenéticas (seta azul).



**Figura. 4** - Alinhamento das sequências nucleotídicas de representantes de *Yersinia pestis* das três grandes pandemias. Em destaque, trechos de suas regiões conservadas e variadas.

O MEGA é um software livre, amplamente utilizado em bioinformática e biologia evolutiva, atualmente usado por pesquisadores em áreas como evolução molecular e filogenética. Esse software foi desenvolvido para facilitar estudos comparativos de sequências de DNA, RNA e proteínas, com foco em inferência filogenética, estimativa de taxas de evolução molecular e teste de hipóteses evolutivas (Tamura, Stecher, Kumar, 2021). Foi lançado pela primeira vez em 1993 para oferecer métodos

estatísticos de evolução molecular por meio de uma interface interativa no *Microsoft Disk Operating System* (MS-DOS) (Kumar et al., 1993).

Por meio dessas ferramentas, os alunos serão capazes de relacionar as cepas em estudo a pandemias históricas, percebendo, dessa forma, que o processo evolutivo opera em uma extensa escala temporal, abrangendo milhares de gerações, conforme pode ser visto no quadro 3. As ferramentas de bioinformática vão atuar nesse momento demonstrando de uma maneira lúdica como esses processos ocorrem.

**Quadro 3** - Relação entre as cepas estudadas, biovar e pandemias relacionadas a *Yersinia pestis*.

<b>CEPAS</b>	<b>BIOVAR</b>	<b>PANDEMIAS</b>
Cepa - CP000308.1:136253-137768	Antiqua	Peste de Justiniano
Cepa - AE009952.1:12016-13600 Yersinia pestis KIM10+	Medievalis	Peste Negra
Cepa - AL590842.1:12292-13763 Yersinia pestis CO92	Oceânica ou orientalis	Peste Contemporânea
Cepa - AE017042.1:12057-13545 str. 91001	Microtus	Ausência de pandemias

**Fonte:** O autor

Por meio dessa análise, os alunos podem explorar a interface da ferramenta e aprender algumas das suas principais funcionalidades, ao mesmo tempo em que permitem aos professores reforçarem conceitos essenciais, como alinhamento de sequências, genética evolutiva, filogenia e bioinformática. Assim, os discentes podem visualizar as regiões das sequências conservadas e variadas, ao mesmo tempo em que podem gerar, via software, uma árvore filogenética para debater a história das sequências genômicas das espécies estudadas no tempo e no espaço (Figura 1; Figura 3; Figura 4).

Posteriormente, foi aplicado um questionário final (Apêndice A), para avaliar as experiências de aprendizagem e o aproveitamento das ferramentas. As respostas foram tabuladas em planilhas do Excel (2025, versão 15.0) e contabilizadas.

#### **4.3.3. ANÁLISE DE DADOS**

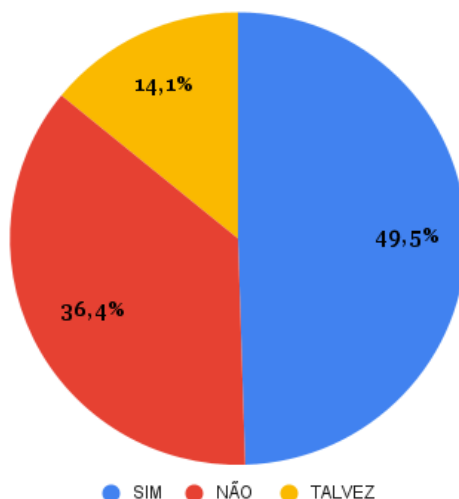
Após a coleta dos dados, foi realizada uma análise de interpretação, foi feito um recorte do questionário diagnóstico, sequências de aulas e do questionário final com base nos nossos referenciais teóricos. O uso dos testes pré e pós sequência de aulas teve como objetivo avaliar se houve melhora no aprendizado após a aplicação desta metodologia. A análise interpretativa busca compreender os significados subjacentes aos fenômenos sociais, culturais, textuais ou discursivos. Ela parte do pressuposto de que a realidade é construída através de interpretações e que o conhecimento é mediado por contextos históricos, linguísticos e simbólicos.

### **5. RESULTADOS E DISCUSSÕES**

Neste tópico, os resultados obtidos serão apresentados a partir do: questionário diagnóstico; das sequências de aulas desenvolvidas e do questionário final, por meio de registros, fotografias e relatos dos estudantes.

#### **5.1. ANÁLISE DO QUESTIONÁRIO DIAGNÓSTICO**

Na aplicação da metodologia proposta inicialmente quando perguntados sobre contato prévio com o conteúdo de evolução no ensino médio, cerca de (49%) do grupo entrevistado responderam afirmativamente, enquanto (36%) do grupo responderam “não” e os demais (14%) responderam talvez (Figura 5).



**Fonte:** O autor

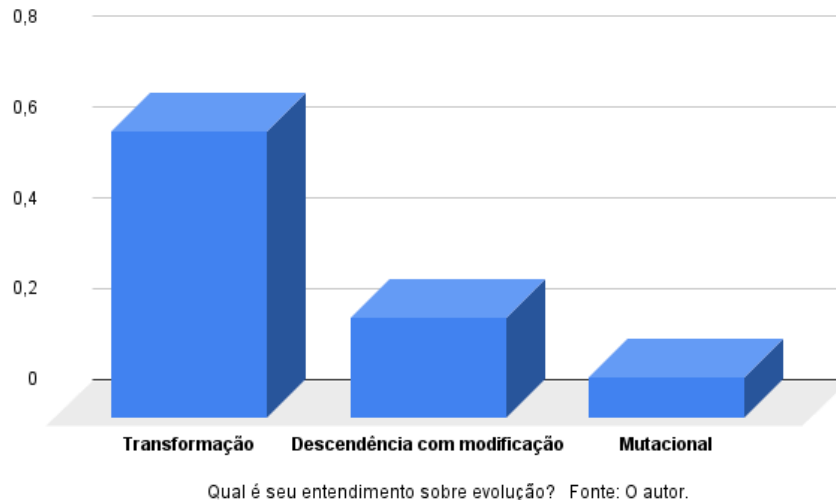
**Figura 5:** Proporção de discentes já tiveram contato prévio com os conteúdos de evolução durante o ensino médio.

As proporções indicam que ainda precisamos avançar no processo de ensino-aprendizagem dos conteúdos de genética e evolução, visto que aproximadamente 50% dos discentes ainda não tiveram contato prévio com o tema.

Segundo Almeida e Falcão (2005) e Oleques (2010), no Ensino Médio, os conteúdos relacionados à evolução biológica são frequentemente excluídos em detrimento de outras áreas do conhecimento. Quando são abordados, o tratamento dado aos temas costuma ser superficial. Comprometendo a compreensão efetiva dos alunos. Além disso, esses conteúdos, quando ensinados, muitas vezes são apresentados de forma fragmentada, sem uma progressão didática coerente.

Essa descontinuidade é agravada pelo fato de que, geralmente, o tema é reservado para os bimestres finais do ano letivo, período em que, devido a atrasos acumulados ao longo do semestre (resultantes de feriados, greves ou atividades extracurriculares, por exemplo), muitos professores não conseguem sequer alcançar ou aprofundar a temática. Como destaca Baldin (2019), esse efeito em cascata pode comprometer seriamente a abordagem dos conteúdos sobre a origem e evolução da vida.

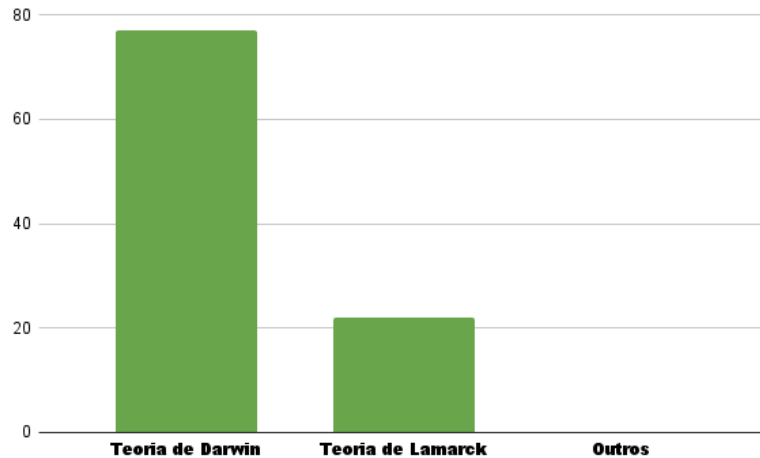
Quando os discentes foram questionados sobre seu entendimento de evolução e como ela ocorre (Figura 6), aproximadamente 63% do grupo a definiram como um processo transformacional, enquanto 22% responderam que evolução é um processo de descendência com modificação. Adicionalmente, 9% responderam que a evolução é um processo mutacional.



Fonte: O autor

**Figura 06** - Porcentagem dos alunos e seu entendimento sobre o significado de evolução.

Além disso, quando os discentes foram questionados sobre a teoria da evolução mais aceita atualmente (Figura 7), 77% dos entrevistados citaram a teoria da evolução de Charles Darwin, enquanto 22% mencionaram a teoria de Lamarck.



Fonte: O autor

**Figura 07** - Porcentagem dos alunos e seu entendimento sobre a teoria evolutiva mais aceita.

Os dados revelam que a maioria dos estudantes ainda não estão familiarizados com um entendimento adequado do pensamento evolucionista. Essa lacuna conceitual pode impactar diretamente a maneira como assimilam outros conhecimentos e interpretam fenômenos naturais. Ademais, ao conceberem a evolução como um processo meramente transformacional, muitos recorrem a uma visão reducionista, ancorada em concepções tipológicas do século XIX, desconsiderando os avanços contemporâneos da evolução (Mayr, 2007; Araújo, 2020).

Sob uma perspectiva social, a falta de compreensão do pensamento evolucionista pode dificultar significativamente a desconstrução de preconceitos. Segundo Syropoulos et al. (2022), a falta de ensino sobre a evolução humana está associada a níveis mais elevados de preconceito, incluindo atitudes racistas contra pessoas negras, imigrantes e membros da comunidade LGBTQ+.

Na Figura 7 a proporção significativamente correta de respostas dos entrevistados pode estar relacionada ao fato de que previamente os discentes já tinham conhecimento dos conteúdos de evolução durante o Ensino Médio (Figura 5).

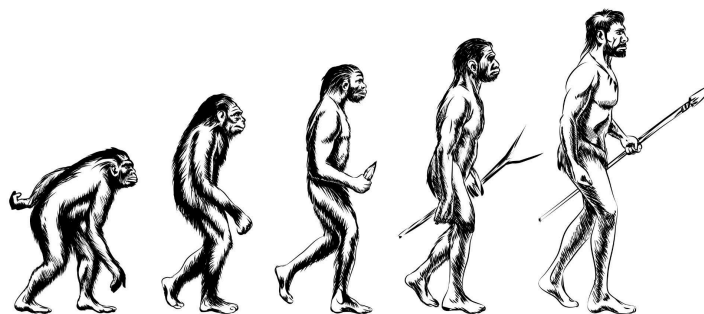
Entretanto, o fato de alguns estudantes identificarem a teoria de Lamarck como a mais aceita atualmente evidencia não apenas a falta de contato com os fundamentos da biologia evolutiva, mas também possíveis confusões e/ou resistência na absorção no processo de ensino-aprendizagem desse conteúdo nas etapas anteriores da

formação escolar. Constata-se a ausência de menção à Teoria Sintética da Evolução, o que indica uma possível lacuna no conhecimento dos estudantes sobre os avanços mais recentes da biologia evolutiva.

Adicionalmente, essas associações revelam que, apesar de 77% terem atribuído a evolução a Darwin, o grupo não consegue associar o trabalho de Darwin com processos evolutivos, e sim com princípios transformistas de Lamarck (63%) ou seja, pensamentos tipológicos. Leal et al. (2016) chamou a atenção para o fato de que muitos discentes associam evolução a um sentido linear de “progresso”, portanto, o presente trabalho demonstrou que o problema ainda persiste em 2025 e essas proporções também demonstram que a grande maioria dos discentes interpretam a evolução como um processo ascendente, culminando no ser humano como ápice evolutivo (Leal et al., 2016).

Essa interpretação corrente é a de que a evolução orgânica leva inexoravelmente ao “melhoramento e ao progresso” (Gould, 1990; Klassa, 2012; Santos, 2019). Essa perspectiva é explícita na iconografia canônica da evolução clássica de primatas em fila (Figura 08), geralmente iniciada por um chimpanzé ou um Australopithecus e finalizada com um Homo sapiens, que geralmente é representado por um “homem branco” como estágio superior da evolução (Santos, 2019).

Essa iconografia vai ao encontro da visão que boa parte dos estudantes têm sobre o conceito de evolução: um processo de aprimoramento da espécie humana (Bizzo, 1991; Pereira, 2009).

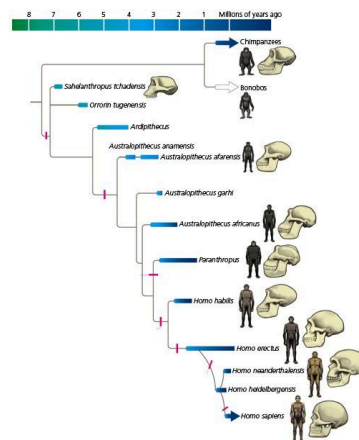


Fonte: [www.freepik.com](http://www.freepik.com)

**Figura 08** - representação errônea da evolução biológica que os estudantes apresentaram.

A evolução biológica é o processo que explica as mudanças nas características hereditárias das populações ao longo das gerações (Futuyma, 2007). Diferente de uma concepção linear e progressiva, a evolução não possui direção pré-estabelecida; trata-se de um processo ramificado, no qual as espécies divergem ao longo do tempo, resultando em múltiplas linhagens com trajetórias independentes (Gould, 1990; Freeman; Herron, 2017; Mayr, 2005). Essa perspectiva enfatiza que a diversidade biológica atual é resultado de bifurcações evolutivas e não de um avanço contínuo em direção à complexidade ou superioridade.

À evolução linear refere-se à compreensão da evolução orgânica como a substituição de organismos “mais primitivos” por outros “mais evoluídos”. A ideia está relacionada à percepção da evolução como melhoramento, progresso e aumento de complexidade, tal como expressa na iconografia canônica da evolução (Figura 8). É uma visão equivocada da teoria evolutiva, ela melhor representada através de imagens de padrões ramificados (Figura 9) (Gould, 1990; Santos, 2019).



Fonte: Carl Zimmer, Roberts & Company, Greenwood Village

**Figura 09** - representação correta da evolução biológica, a imagem representa que a evolução não é linear e sim ramificada.

A ideia de evolução como progresso foi fortemente aceita e defendida no século XIX. Com a expansão do capitalismo industrial na Inglaterra (Hobsbawm, 1981), a ideia

de que as sociedades humanas avançavam em direção ao progresso era tida como certa. Essa visão influenciou pensadores como Herbert Spencer, que contribuiu com o Darwinismo social, que serviu de base ideológica para criação de uma cultura eugênica no final do século XIX e início do XX, com consequências nefastas tanto biológica como socialmente (Blanc, 1994; Bowler, 2009; Santos, 2019 ).

Segundo Mayr (1997), classicamente os melhoristas trabalhavam com poucos locus<sup>4</sup> gênicos e o modelo híbrido tende a ser 'um tipo intermediário'. Enquanto, os evolucionistas avaliavam a hibridação como complexos de genótipos intermediários. As diferenças culturais e políticas também contribuíram na formação de diversos geneticistas eugenistas, entre os quais Francis Galton (1822–1911) e Ronald A. Fisher (1890–1962), um dos fundadores da genética populacional moderna e da estatística. Diferentemente, Richard Lewontin (1929-2021), figura central na evolução molecular e genética de populações, conhecido por sua crítica ao reducionismo, foi uma das principais vozes que combatem o racismo científico. Em defesa de que os aspectos sociais, políticos e éticos devem ser considerados, defendendo uma abordagem mais ampla e humanista da ciência (Reyes, Piñero, 2021).

Dessa forma, o conteúdo de evolução deve ser ensinado de maneira contextualizada, em um viés histórico-filosófico e humanístico, que permite ao estudante compreender sua relação com os demais membros da espécie humana e com o ambiente. É fundamental que os processos de ensino-aprendizagem da evolução e seus conceitos essenciais, relacionados às variações intra e interespecíficas, sejam abordados de forma inter e transdisciplinar, promovendo uma compreensão integrada entre as ciências naturais, humanas e político-sociais (Moura; Silva, Santana 2012, Baldin, 2019).

Além disso, tratar destas questões em sala de aula é uma das formas de entender a revolução intelectual provocada por Darwin que ao propor a teoria da seleção natural, ele introduziu na biologia a ideia de que os fenômenos naturais podem ser explicados por leis científicas, dispensando a necessidade de recorrer a explicações sobrenaturais. Nesse sentido, Ayala (2007) destaca que:

---

<sup>4</sup> *Locus* - localização de um gene em um cromossomo ou a identidade de uma variante genética.

A maior contribuição de Darwin para a ciência é que ele completou a Revolução Copernicana revelando para a biologia a noção da natureza como um sistema de matéria em movimento governado por leis naturais. Com a descoberta da seleção natural por Darwin, a origem e as adaptações dos organismos foram trazidas para o reino da ciência [...]

O ensino da evolução sem o conhecimento do contexto histórico, social e filosófico em que ela foi desenvolvida (Blanc, 1994; Paul, 2003; Bowler, 2009) é deficiente, focado somente na questão biológica. Segundo Oleques, Santos e Boer (2011), para compreender a complexidade da evolução é preciso abarcar conhecimentos em áreas tão distintas quanto Geologia, Paleontologia, Matemática e Filosofia. A teoria da evolução transmite a ideia de acaso e necessidade, aleatoriedade e determinismo, entrelaçados conjuntamente na essência da vida (Ayala, 2007).

O ensino de Ciências com enfoque ecológico e evolutivo visa fazer com que os educandos percebam as relações entre diferentes disciplinas na tentativa de compreender a dinâmica do mundo vivo e suas transformações (Silva; Silva; Teixeira, 2011).

A teoria da evolução expressa uma síntese entre acaso e necessidade, aleatoriedade e determinismo, elementos entrelaçados na própria essência da vida (Ayala, 2007). O ensino de Ciências com uma abordagem ecológica e evolutiva busca promover uma compreensão integrada das relações entre os seres vivos e o meio, articulando diferentes disciplinas para explicar a dinâmica da vida e suas transformações (Silva; Silva; Teixeira, 2011).

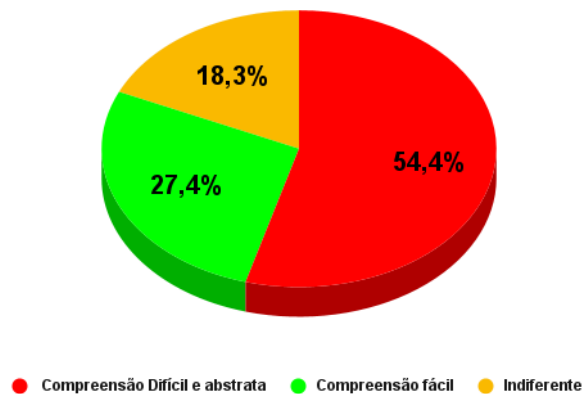
Assim, a inserção do pensamento evolucionista no ambiente escolar torna-se essencial não apenas para a compreensão científica do mundo, mas também para o combate a preconceitos históricos, como o racismo científico. Um ensino humanizado e crítico é fundamental para evitar a reprodução de ideias equivocadas que naturalizam desigualdades.

Essa perspectiva é defendida por Richard Lewontin, que avalia interpretações reducionistas de autores que citam a teoria de Darwin. Para o autor:

“[...] A vulgarização do darwinismo, que vê a luta apenas pela existência como nada mais do que a competição por algum recurso ambiental escasso, ignora o grande conjunto de evidência sobre a complexidade real da relação entre os organismos e os seus recursos [...]” (Lewontin, 1972).

Assim, as dificuldades enfrentadas pelos discentes podem ser minimizadas e, novas estratégias de ensino podem ser continuamente implementadas em sala de aula, com discussões de interesse do grupo, voltadas para valores humanísticos e para a inclusão social.

Sendo assim, quando questionados sobre suas percepções em relação aos conteúdos de evolução, 54,2% dos estudantes os classificaram como difíceis e abstratos. Em contraste, 27,3% consideraram-nos de fácil compreensão, enquanto 18,3% demonstraram indiferença (Figura 10).



Fonte: O autor

**Figura 10** - Porcentagem sobre o que os alunos acham acerca dos conteúdos de evolução. Em vermelho está compreensão difícil e abstrata, em verde compreensão fácil e em laranja indiferente.

Esses dados evidenciam que, para a maioria dos estudantes, a abordagem do tema ainda apresenta barreiras cognitivas e conceituais que dificultam sua assimilação, O fato de que o ensino da teoria da evolução biológica por diversas vezes se concentra em processos abstratos como mutação, adaptação, elementos genético móveis, podendo dificultar a aprendizagem (Dodick, Orion , 2003).

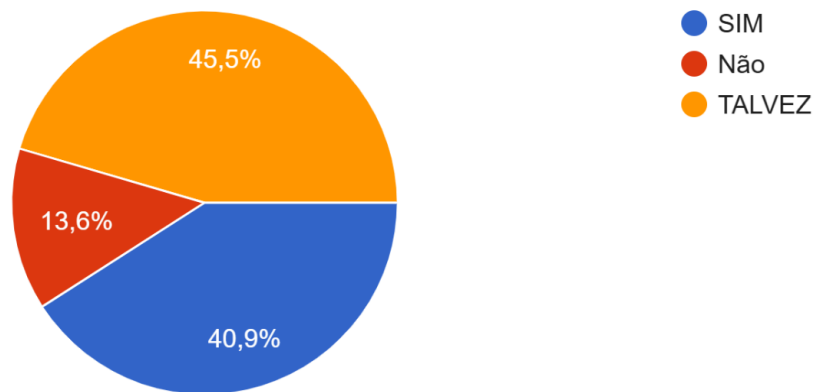
Além disso, as crenças pessoais dos discentes podem impactar o seu aprendizado do conteúdo de evolução. Os discentes, geralmente, abordam este tópico com preconceitos, baseados em ensinamentos religiosos específicos, bem como fatores psicológicos que podem influenciar o aprendizado (Blackwell et al., 2003). Por outro lado, os professores podem utilizar metodologias que dificultam o aprendizado, devido a falhas na formação acadêmica, aliadas também às suas próprias crenças, que, conseqüentemente, dificultam o processo de ensino-aprendizado, como relatado por alguns estudantes e por Kose (2010).

Observa-se, tanto nos EUA quanto no Brasil, o avanço de movimentos anti-evolucionistas muitas vezes apoiados por criacionistas que tratam a teoria da evolução como crença ou uma hipótese e não como fato científico (Martin, 2015). Essa situação reflete uma lacuna na formação científica da sociedade, agravada pela atuação de diferentes mídias (Santos; Calor, 2007).

Por fim, é necessária uma atuação pedagógica com enfoque globalizador, que permita dialogar com as diferentes crenças e com a ciência de forma harmônica, sem prejuízo à educação pública de qualidade.

A incompreensão do pensamento evolutivo abre espaço para o negacionismo científico, o racismo e outros preconceitos históricos. Compreender a teoria evolutiva de Darwin, amplificada pela síntese moderna, permite entender, além dos modelos matemáticos que comprovam a transmissão das características, as mutações, a migração e a deriva genética. Esse conhecimento é fundamental para compreender desde a teoria cromossômica da hereditariedade até os pilares da ciência contemporânea, incluindo avanços cruciais, como o desenvolvimento de vacinas.

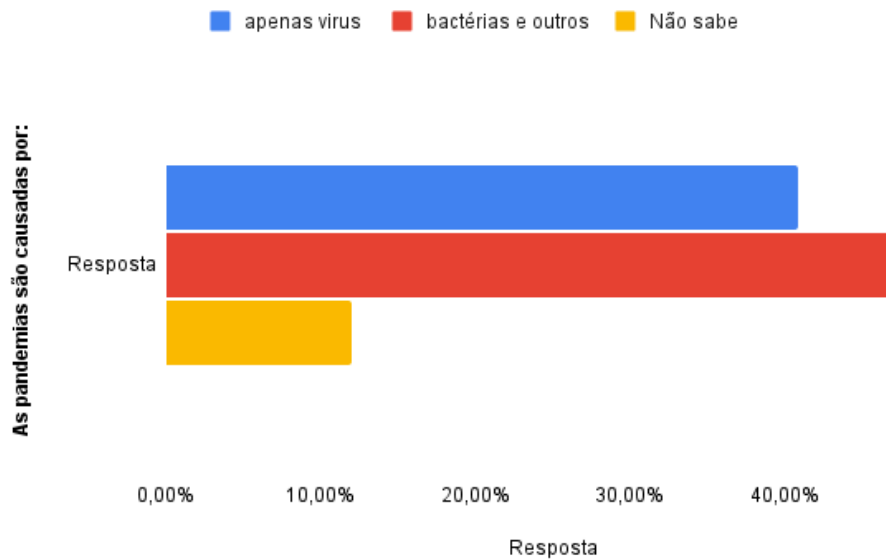
Quando questionados se a evolução dos seres vivos pode estar relacionada com o surgimento de pandemias 40,9% disseram que sim, enquanto que 13,6% responderam que não e 45,5% responderam que talvez (Figura 11).



**Fonte:** O autor

**Figura 11** - porcentagem dos estudantes que acham que a evolução dos seres vivos pode estar relacionado com o surgimento de novas pandemias. Em azul estão os estudantes que responderam sim, em vermelho não e em laranja talvez.

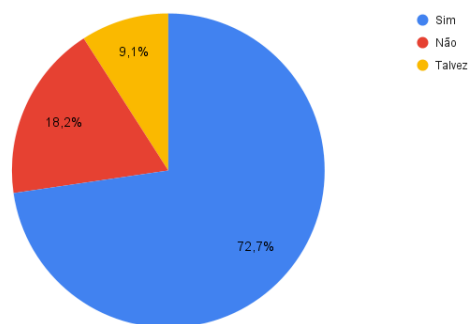
Os dados revelam que muitos estudantes ainda não compreendem plenamente a relação entre o surgimento de pandemias e os processos evolutivos. Isso fica evidente ao observar que 40,9% (Figura 12) dos participantes acreditam que pandemias são causadas apenas por vírus, desconsiderando a possibilidade de serem provocadas também por bactérias e fungos. Tal percepção limitada reforça a necessidade de se abordar, no ensino de Biologia, uma visão mais ampla e integrada dos fatores evolutivos que influenciam a emergência e reemergência de doenças.



Fonte: O autor

Figura 12 - Percepção dos alunos sobre as causas de pandemias: Vírus em (azul), Bactérias e outros microrganismos (vermelho) e Não sabe (laranja).

Outro dado que corrobora essa informação foi quando questionados acerca de quando os estudantes foram perguntados se eles já tinham ouvido falar sobre a peste negra 72,7% dos estudantes afirmaram já ter ouvido falar sobre a peste negra, enquanto 18,2% disseram que não conheciam, e 9,1% falaram talvez (Figura 11).



Fonte: O autor

Figura 13 - Conhecimento prévio dos estudantes sobre a Peste Negra (causada por Yersinia pestis): em azul os estudantes que Conheciam (azul), Não conheciam (vermelho) e Indecisos/incertos (laranja).

A compreensão da relação entre os agentes biológicos e os conceitos de evolução ainda se mostra superficial. Essa limitação evidencia não apenas uma fragilidade no domínio conceitual, mas também uma desconexão entre os conteúdos escolares e os contextos históricos, sociais e ambientais nos quais os processos evolutivos efetivamente ocorrem. Tal lacuna compromete a formação de uma visão crítica e integrada da biologia, dificultando a aplicação do conhecimento científico na interpretação de fenômenos reais. Isso reforça a necessidade de práticas pedagógicas que articulem os conceitos evolutivos com situações concretas e contemporâneas e locais, favorecendo uma aprendizagem contextualizada e significativa.

Diante disso, destaca-se a importância de um ensino de evolução que valorize sua natureza multidisciplinar. Ao compreenderem a teoria da evolução, os estudantes tornam-se mais aptos a interpretar a dinâmica da vida no planeta e a refletir sobre as consequências das ações humanas nesses processos, ampliando sua percepção científica e social do mundo.

O ensino de evolução é a base para o ensino de biologia, devido à sua multidisciplinaridade. Também é relevante destacar que a visão evolucionária do mundo é fundamental não apenas para os biológicos, mas também para os estudantes de todas as áreas. Segundo Falchetti (2012) aprimora habilidades críticas, causais, históricas e relacionais nos processos mentais cognitivos. Podemos entender que as pessoas que compreendem a teoria da evolução, podem ter uma visão mais completa da dinâmica do planeta Terra, podendo avaliar as consequências das ações humanas nesses processos.

## **5.2. ANÁLISE DA SEQUÊNCIA DE AULAS**

Na primeira aula após os discentes realizarem o preenchimento do questionário, foi feita a aula expositiva-dialogada que foi recebida de forma bastante positiva pelos discentes, resultando em um maior engajamento da turma durante a execução das atividades.

Na primeira aula da sequência de aula durante a atividade expositiva-dialogada, após assistirem ao vídeo, alguns estudantes opinaram, a maioria das explicações

foram pautadas em informações relacionadas às vivências cotidianas, como pode ser observado em algumas explicações dadas pelos estudantes acerca do conteúdo, em relação ao conteúdo de evolução os estudantes relacionam com o anime japonês Pokémon (1996), como também já tiveram contato em canais no youtube:

Aluno A - “ eu conheço evolução pelo Pokémon”

Aluno B - “ Já assisti no Pokémon ”

Aluno C - “ assisti sobre o conteúdo em vídeos no Youtube”.

O docente aproveitou essa correlação para explicar para os alunos que na verdade a representação da ideia de evolução do anime está equivocada e não necessariamente mostra o que a evolução é em si, ela está relacionada ao pensamento tipológico.

O interesse demonstrado pela turma foi evidenciado pelo número significativo de questionamentos sobre os temas abordados e pela constante relação que estabeleciam com situações do cotidiano, fato que contribuiu significativamente para o dinamismo das atividades.

O trabalho demonstrou que esse lado social também é importante na internalização do assunto pelo estudante. Também é necessário considerar os conceitos prévios trazidos pelos estudantes sobre o tema e qual sua visão do mundo biológico. Os estudantes recebem informações o tempo todo: na escola, em casa, na rua e, sobretudo, em ambientes digitais. Experiências semelhantes como a nossa, foram relatadas por Santos e Calor (2007); Baldin (2018), que afirmaram parte das informações dos discentes são assimiladas fora do espaço escolar, o que muitas vezes gera interpretações distorcidas pela ausência de conhecimento elementar sobre a teoria da evolução.

Em relação ao conteúdo sobre pandemias, *Yersinia pestis* alguns estudantes expressaram algumas opiniões, as explicações também foram pautadas em informações relacionadas a suas vivências cotidianas, como pode ser observado em algumas falas:

Aluno A - “Eu vi sobre essa doença em um filme“

Aluno B - “Eu vi no youtube quando estava estudando para o enem”

Aluno C - “Conheço porque já joguei em um videogame”

Aluno D - “Eu não sabia que ainda existia essa doença no Brasil”

Aluno E - “De pandemia eu conheço só a de Covid-19”

Aluno F - “Eu conheço a pandemia causada pela covid-19, mas o vírus evoluiu ?“

Aluno G - “Foi causada porque o homem se alimentou do morcego e espirrou”

Aluno H - “É por isso que precisamos tomar vacina”

Os questionamentos levantados pelos estudantes durante a atividade foram fundamentais para o aprofundamento do conteúdo em sala de aula. O docente atuou de forma ativa, esclarecendo dúvidas, aproveitando esse momento para contextualizar temas relevantes como surtos, epidemias e pandemias. Além disso, foi possível abordar novamente a evolução dos seres vivos, a importância da vacinação como uma estratégia essencial de prevenção coletiva, especialmente, em cenários de emergência em saúde pública.

Já na segunda aula da sequência de aulas, os estudantes foram levados ao laboratório de informática para acessarem as plataformas NCBI e utilizarem o software MEGA. A utilização da plataforma NCBI no processo de ensino permitiu aos estudantes uma aproximação concreta com banco de dados que armazenam conhecimento científico organizado e pode ser compartilhado. Por meio do acesso a bases de dados como o *GenBank*, os discentes puderam compreender o funcionamento dos repositórios públicos de sequências de DNA, RNA e proteínas, fundamentais para a pesquisa em biologia molecular e evolutiva.

Já na terceira aula após a seleção das sequências de *Yersinia* no *Genbank*, ainda em laboratório de informática os estudantes utilizaram o *Software* MEGA, versão 11.0.13 (Figura 03), como atividade lúdica para realizar o alinhamento múltiplo, das sequências de previamente selecionadas na aula anterior. Após realizar o alinhamento completo (Figura 4), os estudantes utilizaram o recurso “*Phylogeny*” para a construção das árvores filogenéticas.

Essa experiência lúdica possibilitou que os alunos visualizassem, na prática, como dados genéticos são armazenados, acessados e utilizados por pesquisadores em todo o mundo de forma gratuita e colaborativa. Além disso, o contato com esse tipo de ferramenta evidenciou o papel central da bioinformática na ciência contemporânea, sobretudo na comparação de genomas de diferentes espécies, nos estudos de evolução molecular, na construção de árvores filogenéticas e na identificação de genes associados a doenças e características específicas das pandemias históricas de *Yersinia sp.*

Curiosamente, do total de 24 estudantes convidados a participar do estudo, 22 aceitaram participar. Contudo, a recusa dos dois participantes restantes merece uma análise particular, pois evidencia uma barreira de natureza sociocultural. O não consentimento dos pais a participação do discente devido ao fato de que associaram o nome da bactéria em questão a conotações pejorativas e não científicas, especificamente a uma suposta referência a elementos "diabólicos" ou malignos. Este episódio, embora isolado, serve como um caso de como o desconhecimento e a descontextualização podem gerar resistência ao avanço do conhecimento, um fenômeno observado na literatura sobre divulgação científica (Silva, 2020). É crucial enfatizar que a nomenclatura "pestis" deriva do latim para "praga" ou "doença contagiosa", sendo um termo taxonômico estritamente descritivo e histórico, sem qualquer fundamento ou conotação metafísica.

Além do que, de maneira quase unânime, os estudantes manifestaram surpresa e admiração pela atividade, afirmando que a dinâmica proposta foi "muito diferente do que imaginaram". Esta reação sugere que a metodologia aplicada conseguiu romper com expectativas baseadas em modelos de aula convencionais, promovendo um engajamento que transcende a mera obrigatoriedade curricular. A novidade da abordagem parece ter atuado como um catalisador para a curiosidade na possibilidade de eles próprios realizarem a pesquisa pela sequências de nucleotídeos na plataforma.

Durante essas etapas os estudantes levaram às seguintes questões:

Aluno A - "Isso tem dentro da gente?"

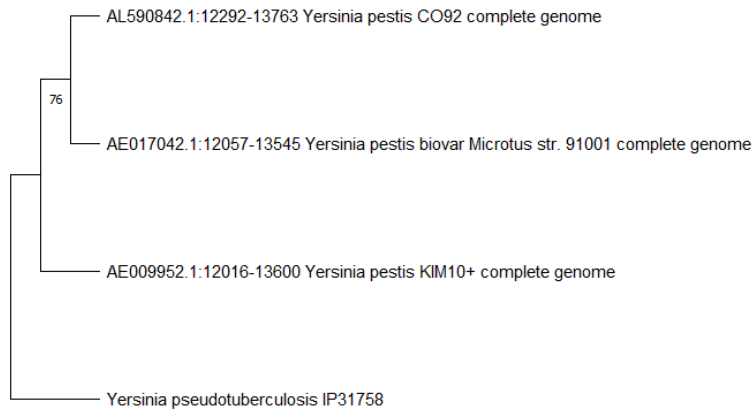
Aluno B - “Eu consigo visualizar o DNA dos seres humanos?”

Aluno C - “Isso serve para o quê?”

Ao vivenciar esse processo, os estudantes foram expostos a uma perspectiva mais concreta e crítica da ciência, compreendendo que o conhecimento científico não é algo “inventado” ou meramente teórico hipotético sem validação, mas fruto de uma construção coletiva, fundamentada em evidências e constantemente atualizada. Essa vivência contribui, portanto, para a valorização da ciência enquanto prática validativa, sendo essencial para o avanço do conhecimento científico das nossas próximas gerações, além de promover um letramento científico necessário para formação de cidadãos críticos e conscientes.

A árvore filogenética de *Yersinia sp.* gerada pelos estudantes (Figura 14) é uma representação gráfica simplificada das relações evolutivas entre diferentes organismos ou genes, baseada em características compartilhadas e na ancestralidade comum. A partir das árvores é possível visualizar como diferentes espécies ou linhagens se diversificaram ao longo do tempo a partir de um ancestral comum, sendo amplamente utilizada na biologia evolutiva, na taxonomia e na genômica comparativa (Santos, 2023).

No sentido da Sistemática Filogenética a árvore filogenética é um dendrograma que expressa relações filogenéticas tanto entre táxons terminais, quanto entre espécies ancestrais e espécies descendentes (Amorim, 2002). Para a construção das árvores, foi utilizado o método de Máxima Verossimilhança (MMV), que já é nativo do software , é um método estatístico usado para estimar os parâmetros de um modelo, buscando os valores que tornam os dados observados mais prováveis. Todavia essas informações básicas foram exemplificadas para os discentes apenas como meros modelos matemáticos realizados pelo *software* Mega.



**Fonte:** O autor (2025)

**Figura 14** - árvore filogenética obtida através das sequências nucleotídicas através do software MEGA essas sequências demonstram as relações evolutivas entre os representantes da família *Yersiniaceae* e um outgroup para comparação.

Esta árvore filogenética ilustra as relações evolutivas entre diferentes cepas do grupo *Yersiniaceae*, incluindo dois grupos externos (outgroups) utilizados como referência comparativa. A representação está organizada em uma escala temporal evolutiva, partindo da cepa mais ancestral (na base da árvore) até a mais recente (no topo).

Na base da árvore a cepa *Y. pseudotuberculosis* é considerada o ancestral evolutivo mais próximo da *Y. pestis*. Evidências indicam que *Y. pestis* tenha emergido há cerca de 1.500 a 6.000 anos a partir de uma cepa de *Y. pseudotuberculosis* que sofreu importantes adaptações genéticas, como a aquisição de plasmídeos específicos, que permitiram sua alta virulência e transmissão via pulgas (Demeure, 2019).

A cepa KIM10+ foi isolada durante um surto ocorrido na Ásia Central e está associada à Segunda Pandemia da Peste. Essa cepa representa o biovar Medievalis e é considerada uma linhagem ancestral, atuando como elo evolutivo entre os biovars Antiqua e Medievalis (Deng, 2002).

A cepa CO92 foi isolada de um paciente com peste pneumônica nos Estados Unidos, em 1992. Associada à Terceira Pandemia da peste, ela representa o biovar Orientalis e se destaca por ter sido uma das primeiras cepas de *Yersinia pestis* com o

genoma completamente sequenciado, sendo amplamente utilizada como modelo de referência em estudos genômicos (J. Parkhill, 2001; Deng et al., 2002).

O biovar Microtus de *Yersinia pestis* foi isolado principalmente de roedores silvestres em focos endêmicos na China, como as regiões montanhosas de Qinghai-Tibete. Este biovar é notável por sua baixa virulência ou avirulência em humanos, embora permaneça altamente letal para várias espécies de roedores e camundongos de laboratório.

Estudos genômicos revelam que o biovar Microtus apresenta uma significativa degradação genômica, incluindo a perda de genes funcionais e o acúmulo de pseudogenes, elementos que refletem um processo de especialização adaptativa que é possível atenuação patogênica. Essas alterações genéticas podem estar relacionadas à sua incapacidade de causar infecção severa em seres humanos, ao contrário de outros biovars (Barros, 2012).

Conforme escrita de Mayr (2008), a sistemática filogenética proporciona organizar os conhecimentos sobre diversidade biológica tomando como pressuposto as relações de parentesco, promovendo a possibilidade de os estudantes compararem as diferenças entre os seres, comparação da vida, aproximando-se assim a uma classificação mais condizente com a história evolutiva dos seres.

Por meio desses conhecimentos supracitados, dialoguei com os discentes sobre a importância de explorar a interface da ferramenta e aprender algumas das suas principais funcionalidades, ao mesmo tempo que reforçamos conceitos essenciais, como alinhamento de sequências, genética evolutiva, filogenia e bioinformática. Assim, os discentes além de visualizarem através das interfaces as regiões das sequências conservadas e variadas, puderam compreender como as árvores filogenéticas são geradas e na sequência debateram a história das sequências genômicas das espécies estudadas no tempo e no espaço (Figura 1; Figura 3; Figura 4), de uma forma contextualizada.

Na quarta e última aula, após a aplicação das sequências didáticas, foi realizada uma etapa de revisão com os estudantes, através de quiz por meio da plataforma *wayground* (<https://wayground.com/>), foram respondidas questões de vestibulares (figura 15), ao todo foram 10 perguntas (Apêndice C).



Fonte: O autor

**Figura 15** - Realização de atividade de revisão em laboratório de informática, com o objetivo resolução de questões selecionadas do Exame Nacional do Ensino Médio (ENEM), visando à consolidação dos conteúdos trabalhados e à familiarização dos estudantes com o formato da avaliação.

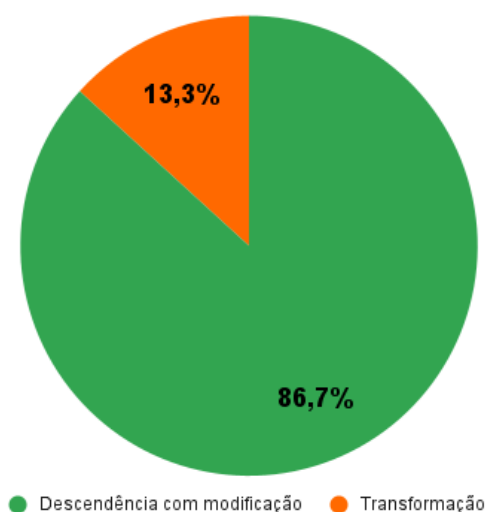
Essa atividade teve como objetivo reforçar os conhecimentos a partir da vivência, estimular a aplicação prática dos conceitos trabalhados e aproximar os discentes do formato de avaliação presente nos vestibulares ao longo do Brasil.

Durante a realização das questões, houve constante mediação pedagógica, quando dialoguei continuamente com os estudantes, promovendo o aprofundamento dos conteúdos. O docente atuou de forma ativa, esclarecendo dúvidas, retomando conceitos centrais e incentivando o raciocínio biológico necessário para a resolução das questões, configurando-se como um momento significativo de consolidação da aprendizagem. Nessa etapa reforcei a importância da razão pela qual devemos estudar evolução e incentivei que sempre que tenhamos dúvidas devemos questionar quais são as evidências para o fenômeno biológico.

A escolha por questões de vestibulares teve como finalidade contextualizar os conteúdos de evolução em situações reais de avaliação, favorecendo a familiaridade com o estilo de cobrança dos exames e fortalecendo a autonomia dos discentes frente a esse tipo de desafio.

### 5.3. ANÁLISE DO QUESTIONÁRIO FINAL

Ao serem questionados novamente sobre o conceito de evolução, observou-se um aumento significativo no número de estudantes que associaram corretamente o fenômeno à ideia de "descendência com modificações" (86,7%), conforme demonstrado na Figura 13. Esse resultado indica uma melhora na compreensão conceitual após as intervenções pedagógicas aplicadas.

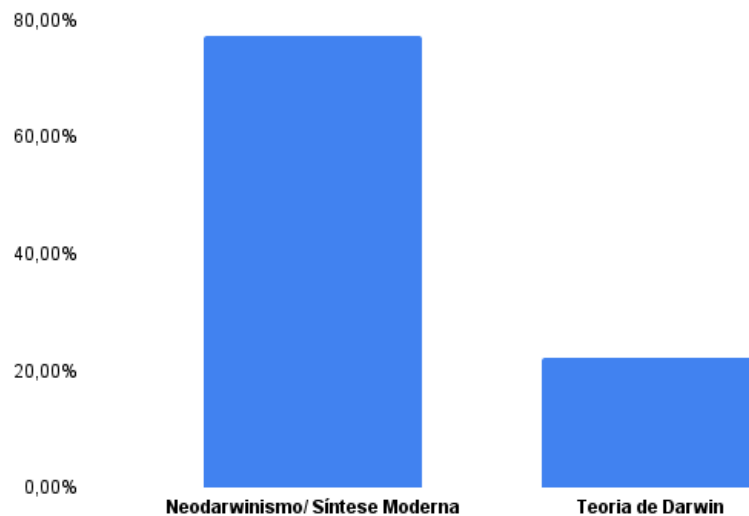


Fonte: O autor

**Figura 16** - Porcentagem dos alunos e seu entendimento sobre o significado de evolução. Em verde estão os alunos que acham que evolução é um processo de descendência com modificações e em laranja estão os alunos que acham que evolução é um processo transformacional.

Os resultados obtidos indicam uma melhora na assimilação de ideias e conceitos, por parte dos estudantes, em relação ao pensamento evolutivo. Evidenciando que é possível trabalhar conceitos considerados complexos e abstratos com a introdução das ferramentas de bioinformática apresentadas.

Além disso, quando perguntados sobre a teoria evolutiva atual, 77,3% dos alunos responderam ser o neodarwinismo e 22,2% falaram ser a teoria de Darwin (Figura 14).



Fonte: O autor

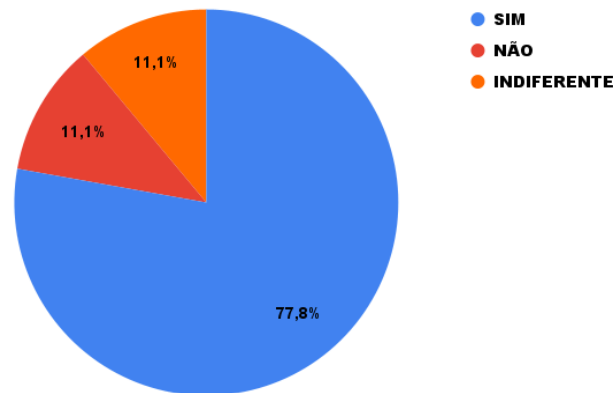
**Figura 17** - Porcentagem dos alunos e seu entendimento sobre a teoria evolutiva mais aceita atualmente, a esquerda do leitor está a síntese moderna e o neodarwinismo, a direita do leitor está a teoria de Darwin.

Os dados indicam que os estudantes possuem uma compreensão mais alinhada com o pensamento biológico contemporâneo do século XXI, ao invés do pensamento tipológico predominante no século XIX.

Além disso, observa-se que os discentes conseguiram estabelecer conexões entre os conceitos evolutivos posterior a teoria da evolução de Darwin e relacionar com outras áreas do conhecimento, demonstrando um raciocínio mais integrado e interdisciplinar. Apesar de não ter sido estabelecido o modelo da hereditariedade das populações mendelianas e dos mecanismos básicos da evolução, que não foram objetivos desta pesquisa e, que é a base do neodarwinismo/síntese moderna (Figura 17).

A sequência de aulas foi recebida de forma bastante positiva pelos discentes, resultando em um maior engajamento da turma durante a execução das atividades. O interesse demonstrado pela turma foi evidenciado pelo número significativo de questionamentos sobre os temas abordados e pela constante relação que estabeleciam com situações do cotidiano, fato que contribuiu significativamente para o dinamismo das atividades.

Quando questionados sobre a contribuição da atividade para a compreensão do conteúdo de evolução (Figura 15), 77,8% dos discentes afirmaram que ela facilitou o entendimento. Em contrapartida, 11,1% consideraram que não houve contribuição significativa, e outros 11,1% classificaram a atividade como indiferente.



**Figura 18** - Proporção de discentes que acharam que a atividade de sequência didática facilitou o aprendizado do conteúdo de evolução.

Os resultados demonstram que a metodologia utilizada foi eficaz para promover a compreensão do pensamento evolutivo do século XXI pelos discentes. Isso é especialmente relevante, considerando que esse tipo de conteúdo frequentemente exige um alto nível de abstração, uma habilidade que nem sempre é estimulada pelas metodologias tradicionais de ensino (Corrêa, 2010; Nobre, 2017).

As ferramentas de bioinformática colocam o estudante no centro do processo de aprendizagem e tornam o aprendizado significativo, promovendo um ambiente lúdico e interdisciplinar que permite preparar os estudantes para as questões emergentes da biologia do século XXI (Martins; Tavares e Lencastre, 2017).

Segundo Castro et al. (2020) as ferramentas da bioinformática possibilitam aos alunos uma inserção tecnológica e sua aprendizagem proporciona momentos mais atrativos que contribuem para o seu aprendizado. Aliado a isso, como destaca Maia et al. (2020), o uso de softwares de análise filogenética no ensino médio e superior contribui para o desenvolvimento do raciocínio científico e da compreensão de processos evolutivos complexos de forma interativa e contextualizada.

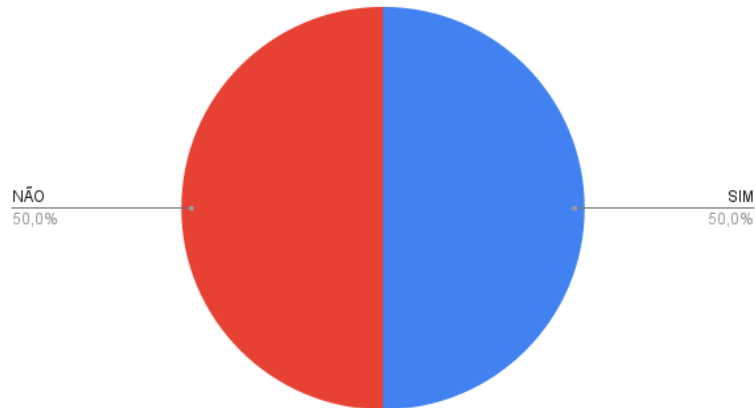
O modelo prático proposto na presente pesquisa de ensino não apenas favoreceu a aprendizagem dos conceitos de biologia evolutiva, mas também favoreceu a correlação entre conceitos de microbiologia, saúde pública, informática e fortaleceu o entendimento de como os dados científicos são processados e interpretados para construir explicações evolutivas, legitimando o poder do conhecimento científico.

A inserção de ferramentas computacionais como as disponíveis no NCBI e no MEGA no contexto dessa pesquisa permitiu integrar a bioinformática ao ensino de Biologia, tornando o processo de ensino-aprendizagem mais significativo e alinhado com a prática científica atual. Por meio da visualização dos alinhamentos de sequências genéticas (Figura 4), os discentes puderam observar padrões conservados de bases de DNA, bem como regiões de variação entre as sequências analisadas. Esse tipo de atividade contribui significativamente para que os discentes compreendam, de forma concreta, que as espécies variam ao longo do tempo.

Essa atividade promove por tanto a Alfabetização Científica (AC) ao possibilitar que os estudantes aprendessem conhecimentos científicos e os aplicassem de forma crítica em seu cotidiano. Segundo Sasseron e Carvalho (2011), a AC ocorre quando o indivíduo se apropria do conhecimento científico e o utiliza criticamente em situações reais do dia a dia. O objetivo da AC não é formar cientistas, mas sim cidadãos críticos, capazes de compreender o mundo, avaliar informações com base científica e participar ativamente da sociedade.

### **5.3.1. EXPERIÊNCIA PRÉVIA DOS ESTUDANTES EM LABORATÓRIO DE INFORMÁTICA**

Quando questionados sobre o uso do laboratório de informática, metade da turma (50%) afirmou ter tido atividades envolvendo o conteúdo de biologia no laboratório, enquanto outros 50% afirmaram que nunca tiveram (Figura 18).



**Fonte:** O autor

**Figura 19** - Proporção de estudantes que tiveram algum tipo de aula envolvendo o conteúdo de Biologia no laboratório de informática.

O diálogo com os estudantes permitiu identificarmos que as experiências prévias relatadas pelo grupo que teve atividades no laboratório de informática, ou seja, 50% do grupo avaliado eram restritas apenas a atividades de assistir filmes relacionados ao conteúdo de biologia e de realizar pesquisas na web.

A falta de experiência pelo outro 50% do grupo entrevistado não pode aqui ser determinada. Todavia, identificamos algumas limitações estruturais na unidade onde foi realizada a presente pesquisa de ensino, com um número reduzido de computadores em relação ao número de estudantes por sala de aula e principalmente de dificuldade ao instalar o MEGA nos computadores, dependendo de uma autorização externa.

Os dados obtidos revelam importantes limitações estruturais e pedagógicas que implicam diretamente no processo de ensino-aprendizagem, especialmente no que diz respeito ao uso de recursos tecnológicos e laboratoriais. Embora a escola possua laboratório de informática, nem todos os estudantes conseguem acessá-lo, tendo a necessidade de formar duplas e trios em um único equipamento.

A dificuldade na instalação do programa exigiu que a instituição entrasse em contato com órgãos superiores para liberação do MEGA aos computadores. O que atrasou e dificultou a execução plena da proposta. Tais obstáculos evidenciam um cenário ainda distante do ideal, no qual a infraestrutura deveria apoiar, e não limitar, práticas pedagógicas inovadoras e integradas às tecnologias digitais.

Segundo Costa (2015), a aquisição de novas tecnologias por parte das escolas não é garantia de aprendizagem, pois, na prática, muitas escolas que possuem tecnologias à sua disposição muitas vezes não são utilizadas, e se são, são utilizadas sem a devida exploração pedagógica, resumindo-se apenas em um acessório. Além disso, as organizações que são ligadas à escola devem colaborar para que essas novas formas de ensino aconteçam, propiciando o acesso tanto de alunos quanto de professores aos recursos necessários para as novas práticas educacionais.

De acordo com Cardoso (2018) a utilização dos computadores no ensino pode proporcionar um maior diálogo de conteúdo por parte dos discentes, tornando a aprendizagem mais fácil e prazerosa e, conseqüentemente, pode trazer um maior engajamento e para o professor maior disponibilidade de conteúdos para serem trabalhados.

Além disso, a figura do professor como mediador durante a atividade é essencial para organizar o conhecimento e o uso das ferramentas digitais, uma vez que o simples acesso às tecnologias não garante seu uso eficaz se não houver orientação adequada.

O professor é quem define quando, por que e como utilizar o recurso tecnológico a serviço do processo de ensino-aprendizagem (BRASIL, 1998, p. 155). Entretanto a realidade atual do Brasil, geralmente os professores no ensino médio lecionam em um grande número de turmas com um grande número de discentes e geralmente trabalham em mais de uma escola. Limitando sua disponibilidade de se especializar na educação na era digital (Oliveira, 2003; Rosa, 2013).

Além disso, a dificuldade de formação continuada de professores na área, faz com que muitos profissionais se tornem resistentes ao uso e incorporação de novas tecnologias na sala de aula e deixem de utilizá-las por falta de formação (Costa, 2015).

Finalmente, a dimensão pedagógica e emocional da resistência dos discentes. Mesmo que os professores estejam preparados sobre os conteúdos de biologia, sempre há desafios em lidar com conteúdos complexos e sensíveis: com a reação dos discentes, que muitas vezes podem resistir à aceitação da teoria da evolução por causa de suas crenças pessoais ou por falta de repertório científico com a realidade

pessoal; com a necessidade de estratégias didáticas inovadoras, como o uso de debates, simulações, estudos de caso ou abordagem por histórias evolutivas como é o caso desse trabalho, que podem ajudar a tornar o conteúdo mais acessível e engajadora; dificuldade de integração entre biologia e outras áreas, como filosofia e sociologia, para discutir ciência, fé, e construção de conhecimento, favorecendo um pensamento crítico mais amplo.

## 6. CONCLUSÕES

O presente estudo permitiu concluir que as ferramentas de bioinformática contribuem significativamente para o processo de ensino-aprendizagem de conceitos evolutivos no ensino médio. Apesar de ainda serem pouco exploradas nesse nível de ensino, essas ferramentas apresentam grande potencial para transformar a compreensão científica dos estudantes, oferecendo experiências interativas e contextualizadas que dialogam com as ciências biológicas, genômicas, sociais e da saúde.

A utilização dessas ferramentas no ensino da evolução mostrou-se eficaz por sua capacidade de traduzir conceitos teóricos em representações dinâmicas, facilitando a superação de desafios como a persistência de concepções equivocadas e a dificuldade de compreensão dos mecanismos evolutivos. Por meio de sequências de aulas aplicadas de forma lúdica, que envolveram o alinhamento de sequências e a construção de árvores filogenéticas, os estudantes puderam visualizar processos históricos e evolutivos relacionados à bactéria *Yersinia pestis*.

A atividade revelou que inicialmente os discentes pensavam na evolução a partir do pensamento tipológico (século XIX). No entanto, ao serem apresentados as ferramentas de bioinformática, conseguiram avançar em direção ao pensamento evolutivo atual e entenderem que o material genético das espécies sofrem alterações ao longo do tempo.

Os estudantes ao utilizarem as ferramentas de bioinformática contextualizadas com os diferentes momentos históricos das pandemias de *Yersinia pestis* e,

conseguiram fazer um paralelo com a pandemia da covid-19 ao correlacionar a modificação do vírus e seus diferentes variantes identificados na atualidade.

As ferramentas de bioinformática facilitam também a observação da variação genética em populações, contribuindo para o entendimento das dinâmicas populacionais e das heranças mendelianas, tornando mais clara a atuação da bioinformática na ciência contemporânea.

O uso das ferramentas de bioinformática utilizada como um recurso lúdico, após as sequências de aulas, são eficazes na promoção do pensamento crítico e podem facilitar a compreensão da evolução das espécies e consequentemente contribui para a alfabetização científica.

Superar as barreiras do ensino-aprendizagem dos conteúdos de evolução exige o uso de práticas interdisciplinares e criativas que conectem os conteúdos científicos à vivência dos discentes, estimulando o pensamento crítico e a aprendizagem significativa. Contudo, a ampliação do uso dessas metodologias requer investimentos em infraestrutura tecnológica e na formação continuada de professores.

Por fim, o ensino da evolução continua enfrentando dificuldades no processo de ensino-aprendizagem, em parte devido às dificuldades emocionais enfrentadas por professores e estudantes, além de desafios pedagógicos, especialmente pela resistência de ambos, influenciada por crenças pessoais e pela falta de embasamento científico.

## 7. REFERÊNCIAS

ALMEIDA, Argus Vasconcelos de; FALCÃO, Jorge Tarcísio da Rocha. A estrutura histórico-conceitual dos programas de pesquisa de Darwin e Lamarck e sua transposição para o ambiente escolar. *Ciência & Educação (Bauru)*, v. 11, n. 1, p. 17–32, 2005. Disponível em: [http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S1516-73132005000100002&ln=pt&tlng=pt](http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1516-73132005000100002&ln=pt&tlng=pt). Acesso em: 17 jul. 2025.

ANDREWS, C. A. Natural Selection, Genetic Drift, and Gene Flow Do Not Act in Isolation in Natural Populations. *Nature Education Knowledge*, v. 3, n. 10, 2010.

ARAÚJO, Leonardo Augusto Luvison. Concepções equivocadas sobre evolução biológica: um estudo comparativo entre graduandos em Ciências Biológicas e pós-graduandos. *Investigações em Ensino de Ciências*, v. 25, n. 2, p. 332–346, 2020. Disponível em: <https://ienci.if.ufrgs.br/index.php/ienci/article/view/1837>. Acesso em: 17 jul. 2025.

AYALA, Francisco J. Darwin's greatest discovery: Design without designer. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, v. 104, n. suppl\_1, p. 8567–8573, 2007. Disponível em: <https://pnas.org/doi/full/10.1073/pnas.0701072104>. Acesso em: 29 jul. 2025.

BENEDETTI, Thaís. TDIC: como utilizar na educação. TutorMundi. Disponível em: <https://tutormundi.com/blog/importancia-das-tdics-para-a-educacao/>. Acesso em: 17 jul. 2025.

BIOINFORMÁTICA DA BIOLOGIA À FLEXIBILIDADE MOLECULAR. (Verli, Horgo, org.). 1. ed. São Paulo: SBBq, 2014. 282 p.

BIOLOGIA EVOLUTIVA. Funpec Editora, 2021.

BIZZO, Nelio. Pensamento científico: a natureza da ciência no ensino fundamental. São Paulo: Melhoramentos, 2012.

BLACKWELL, W. H.; POWELL, M. J.; DUKES, G. H. The problem of student acceptance of evolution. *Journal of Biological Education*, v. 37, n. 2, p. 58–67, 2003.

BOLFARINE CAIXETA, Marina; DIAS PITHAN, Bruna; SILVA FERREIRA, José Paulo; MARIANO, Marcelo. O Brics, o Sul Global e a transformação da ordem mundial: o Novo Banco de Desenvolvimento; BRICS, the Global South, and the world order transformation: the New Development Bank. *Mural Internacional*, Rio de Janeiro, v. 15, p. e83564, 2024. DOI: 10.12957/rmi.2024.83564. Disponível em: <https://www.e-publicacoes.uerj.br/muralinternacional/article/view/83564>. Acesso em: 22 jul. 2025.

BRAMANTI, Barbara; STENSETH, Nils Chr; WALLØE, Lars; et al. Plague: A Disease Which Changed the Path of Human Civilization. *Advances in Experimental Medicine and Biology*, v. 918, p. 1–26, 2016.

BRASIL. Ministério da Educação. Base Nacional Comum Curricular. Brasília: Ministério da Educação, 2018.

COLLI, P. L. G.; et al. O papel da evolução biológica no ensino de Biologia a partir da visão de professores. *Amazônia: Revista de Educação em Ciências e Matemática*, v. 18, n. 41, p. 237–254, 2022.

CORRÊA, André Luis. História e Filosofia da Biologia na formação inicial de professores: reflexões sobre o conceito da evolução biológica. Dissertação (Mestrado em Educação para Ciências), Bauru, 2010. 148 f.

COSTA, S. M. A influência dos recursos tecnológicos no processo de ensino aprendizagem. 2014. 43f. Trabalho de Conclusão de Curso (Especialização em Fundamentos da Educação: Práticas Pedagógicas Interdisciplinares) – Universidade Estadual da Paraíba, Sousa, 2014.

COSTA, Sandra Regina Santana; DUQUEVIZ, Barbara Cristina; PEDROZA, Regina Lúcia Sucupira. Tecnologias Digitais como instrumentos mediadores da aprendizagem dos nativos digitais. *Psicologia Escolar e Educacional*, v. 19, p. 603–610, 2015. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/pee/a/NwwLwRTRTdBDmXWW4Nq7ByS/?lang=pt>. Acesso em: 17 jul. 2025.

DENG, Wen; BURLAND, Valerie; III, Guy Plunkett; et al. Genome Sequence of *Yersinia pestis* KIM. *Journal of Bacteriology*, v. 184, n. 16, p. 4601, 2002. Disponível em: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC135232/>. Acesso em: 27 jul. 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.

DOLGOVA, Olga; LAO, Oscar. Medicine in the Light of Evolution. *Genes*, v. 10, n. 1, p. 3, 2018. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6356894/>. Acesso em: 23 jul. 2025.

EUROPEAN FOOD SAFETY AUTHORITY; EUROPEAN CENTRE FOR DISEASE PREVENTION AND CONTROL. The European Union Summary Report on Trends and Sources of Zoonoses, Zoonotic Agents and Food-borne Outbreaks in 2010. *EFSA Journal*, v. 10, n. 3, 2012. Disponível em: <https://data.europa.eu/doi/10.2903/j.efsa.2012.2597>. Acesso em: 25 jul. 2025.

FALCHETTI, E. M. Biological evolution on display: an approach to evolutionary issues through a museum. *Evolution: Education and Outreach*, v. 5, n. 1, p. 104–122, 2012.

FERREIRA, Marciele Sirena. A peste negra na Europa e no Brasil: uma ferramenta para o ensino de microbiologia na escola. 2022. Disponível em: <https://acervodigital.ufpr.br/handle/1884/79285>. Acesso em: 23 jul. 2025.

FREITAS, Nara Suzy Aguiar. Evolução genômica e da ilha de alta patogenicidade de *Yersinia*. Disponível em: <https://repositorio.ufpe.br/handle/123456789/6206>. Acesso em: 17 jul. 2025.

FUTUYMA, Douglas J. *Biologia Evolutiva*. 3. ed. Ribeirão Preto: Funpec Editora, 2009.

GERAIS, Universidade Federal de Minas. Bioinformática é aliada no enfrentamento ao coronavírus. Universidade Federal de Minas Gerais. Disponível em: <https://ufmg.br/comunicacao/noticias/bioinformatica-e-uma-das-areas-fundamentais-para-o-combate-a-covid-avalia-professor-da-ufmg>. Acesso em: 17 jul. 2025.

GOULD, S. J. *Vida Maravilhosa: o acaso na evolução e na natureza da história*. São Paulo: Companhia das Letras, 1990. 392 p.

JANDA, J. Michael; ABBOTT, Sharon L. 16S rRNA Gene Sequencing for Bacterial Identification in the Diagnostic Laboratory: Pluses, Perils, and Pitfalls. *Journal of Clinical Microbiology*, v. 45, n. 9, p. 2761–2764, 2007. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2045242/>. Acesso em: 17 jul. 2025.

J, Parkhill; BW, Wren; NR, Thomson; *et al.* Genome sequence of *Yersinia pestis*, the causative agent of plague. **Nature**, v. 413, n. 6855, 2001. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/11586360/>. Acesso em: 27 jul. 2025.

KINGRY, Luke C.; GLADNEY, Lori; PETERSEN, Jeannine M. *Yersiniaceae*. In: *ClinMicroNow*. 1. ed. [S.I.]: Wiley, 2023, p. 1–18. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/97811683670438.mcm0042>. Acesso em: 17 jul. 2025.

KISLICHKINA, Angelina A.; SIZOVA, Angelika A.; SKRYABIN, Yury P.; *et al.* Evaluation of 16S rRNA gene sequences and genome-based analysis for identification of non-pathogenic *Yersinia*. *Frontiers in Microbiology*, v. 15, 2025. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/journals/microbiology/articles/10.3389/fmicb.2024.1519733/full>. Acesso em: 23 jul. 2025.

KOSE, E. O. Biology students' and teachers' religious beliefs and attitudes towards theory of evolution. *Hacettepe University Journal of Education*, v. 38, p. 189–200, 2010.

LE GUERN, Anne-Sophie; MARTIN, Liliane; SAVIN, Cyril; *et al.* Yersiniosis in France: overview and potential sources of infection. *International Journal of Infectious Diseases*, v. 46, p. 1–7,

2016. Disponível em: <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S120197121630995X>. Acesso em: 25 jul. 2025.

LEAL, K. P.; et al. Ciência e religião em conflito na sala de aula: episódios históricos como propostas para a formação de professores. *Revista Brasileira de História da Ciência*, Rio de Janeiro, v. 9, n. 2, p. 235–251, jul./dez. 2016.

LEWONTIN, Richard. *Antirreduccionismo y ciencia para la gente*. Secihti, [S.l.], [202?]. Disponível em: <https://secihti.mx/richard-lewontin-antirreduccionismo-y-ciencia-para-la-gente/>. Acesso em: (dia mês ano não informado).

LICATTI, F. O ensino de Evolução Biológica no nível médio: investigando concepções de professores de Biologia. Dissertação (Mestrado em Educação para a Ciência) – Faculdade de Ciências da Universidade Estadual Paulista, Campus de Bauru, Bauru, 2005. 242 f.

MARQUES, Giuli. Bancos de Dados Biológicos (parte I): o NCBI. *Medium – Omix Data*, 2025? Disponível em: <https://medium.com/omixdata/bancos-de-dados-biol%C3%B3gicos-parte-i-o-ncbi-c16dfc1b0a84>. Acesso em: 17 jul. 2025.

MARTINS, Ana; TAVARES, Fernando; LENCASTRE, Leonor. Integração da bioinformática nos currículos do ensino básico e secundário. Encontro Nacional de Jovens Investigadores em Educação: livro de resumos, 2017.

MAYR, Ernst. *Populações, espécies e evolução*. Tradução de Hans Reichardt. São Paulo: Ed. Nacional; Ed. da Universidade de São Paulo, 1977. (Biblioteca universitária. Série 3ª Ciências puras, v. 5).

MEGLHIORATTI, Fernanda Aparecida. História da construção do conceito de evolução biológica: possibilidades de uma percepção dinâmica da ciência pelos professores de Biologia. Dissertação (Mestrado em Educação para a Ciência), Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Bauru, 2004. 272 f.

MENDES, Alexandre. TIC – Muita gente está comentando, mas você sabe o que é? *Portal iMaster*, 2008. Disponível em: <http://imasters.com.br/artigo/8278/gerencia-de-ti/tic-muita-gente-esta-comentando-mas-voce-sabe-o-que-e/>. Acesso em: 21 abr. 2020.

MINAYO, Maria Cecília de Souza. Análise qualitativa: teoria, passos e fidedignidade. *Ciência & Saúde Coletiva*, v. 17, p. 621–626, 2012. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/csc/a/39YW8sMQhNzG5NmpGBtNMFf/abstract/?lang=pt>. Acesso em: 26 jul. 2025.

NCBI – NATIONAL CENTER FOR BIOTECHNOLOGY INFORMATION. GenBank Overview. 2024. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>. Acesso em: 24 jul. 2025.

NOBRE, Suelen Bomfim; SOARES, Natalia Aparecida; FARIAS, Maria Eloisa. Campos de interação entre o Ensino de Biologia Evolutiva e o Pensamento Complexo. *Acta Scientiae*, v. 19, n. 3, 2017. Disponível em: <http://www.periodicos.ulbra.br/index.php/acta/article/view/3091>. Acesso em: 17 jul. 2025.

OLIVEIRA, D. A. As reformas educacionais e suas repercussões sobre o trabalho docente. In: OLIVEIRA, D. A. (Org.) *Reformas educacionais na América Latina e os trabalhadores docentes*. Belo Horizonte: Autêntica, 2003. p. 13-35.

OLEQUES, L. C. *Evolução Biológica: percepções de professores de Biologia de Santa Maria, RS. Dissertação (Mestrado em Educação em Ciências), Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, 2010.*

OROZCO-MOSQUEDA, Ma del Carmen; MORALES-CEDEÑO, Luzmaria R.; BABALOLA, Olubukola Oluranti; et al. The role of Yersiniaceae bacteria in plant disease suppression: Emerging biocontrol agents. *Physiological and Molecular Plant Pathology*, v. 138, p. 102720, 2025. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0885576525001596>. Acesso em: 17 jul. 2025.

PARELLO, Caitlin S. L. Microbiomics. In: SONIS, Stephen T.; VILLA, Alessandro (Orgs.). *Translational Systems Medicine and Oral Disease*. [S.l.]: Academic Press, 2020, p. 137–162.

PEGORARO, A.; et al. A importância do ensino de evolução para o pensamento crítico e científico. *Revista Interdisciplinar de Ciência Aplicada*, v. 2, n. 2, p. 10–15, 2016.

Peste e outras infecções por Yersinia - Infecções. Manual MSD Versão Saúde para a Família. Disponível em: <https://www.msmanuals.com/pt/casa/infecções/infecções-bacterianas-bactérias-gram-negativas/peste-e-outras-infecções-por-yersinia>. Acesso em: 25 jul. 2025.

QUARTIERI, M. T.; DULLIUS, M. M.; BERGMANN, A. B. Formação continuada para professores de matemática dos anos finais do ensino fundamental proporcionando a inserção de recursos computacionais. In: Congresso Iberoamericano de Educação Matemática – CIBEM, 7., 2013, Montevideo. *Actas: Montevideo: Sociedade de Educação Matemática Uruguaya*, 2013. p. 5159–5166.

REECE, J. B.; URRY, L. A.; CAIN, M. L.; WASSERMAN, S. A.; MINORSKY, P. V.; JACKSON, R. B. Descent with modification by natural selection explains the adaptation of organisms and the unity and diversity of life. In: *Campbell Biology*, 10th ed. San Francisco, CA: Pearson, 2011. p. 465–470.

RIDLEY, M. Evolução. 3. ed. Porto Alegre: Artmed, 2006. 752 p.

RODRIGUES, Y. F. S. Limitações ao ensino de evolução no contexto das relações entre ciência e religião na educação básica. Trabalho de Conclusão de Curso (Licenciatura em Ciências Biológicas) – Centro Universitário de Brasília (UniCEUB), Brasília, 2018. 31 f.

RODRIGUES, Ricardo B. et al. A cloud-based recommendation model. In: EURO AMERICAN CONFERENCE ON TELEMATICS AND INFORMATION SYSTEMS, 7., 2014. Proceedings...2014.

ROSA, Rosemar. TRABALHO DOCENTE: DIFICULDADES APONTADAS PELOS PROFESSORES NO USO DAS TECNOLOGIAS. Anais do Encontro de Pesquisa em Educação e Congresso Internacional de Trabalho Docente e Processos Educativos, v. 1, n. 1, p. 214–227, 2013. Disponível em: <https://revistas.uniube.br/index.php/anais/article/view/710>. Acesso em: 26 jul. 2025.

SANTOS, C. M. D.; KLASSA, B. Despersonalizando o ensino de evolução: ênfase nos conceitos através da sistemática filogenética. Educação: Teoria e Prática, v. 22, n. 40, p. 62–81, 2012.

SANTOS, Charles Morphy D.; KLASSA, Bruna. Despersonalizando o ensino de evolução: ênfase nos conceitos através da sistemática filogenética. Educação: teoria e prática, v. 22, n. 40, p. 62–80, 2012.

SANTOS, Patrícia Da Silva; PUGLIESE, Adriana; SANTOS, Charles Morphy D. A ICONOGRAFIA LINEAR DA EVOLUÇÃO NA PERSPECTIVA DE DOCENTES QUE ATUAM NA EDUCAÇÃO BÁSICA. Ensaio Pesquisa em Educação em Ciências (Belo Horizonte), v. 21, p. e10594, 2019. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/epec/a/q977d83FbB95VzRTkdJkMVs/?format=html&lang=pt>. Acesso em: 26 jul. 2025.

SASSERON, Lúcia Helena; CARVALHO, Anna Maria Pessoa de. ALFABETIZAÇÃO CIENTÍFICA: UMA REVISÃO BIBLIOGRÁFICA. Investigações em Ensino de Ciências, v. 16, n. 1, p. 59–77, 2011. Disponível em: <<https://ienci.if.ufrgs.br/index.php/ienci/article/view/246>>. Acesso em: 27 jul. 2025.

SILVA, J. R.; SOUZA, M. A. Resistência antimicrobiana em bactérias super-resistentes: uma revisão analítica e integrativa da literatura. Revista Finom – Humanidade e Tecnologia, v. 47, abr.–jun. 2024. Disponível em: [https://revistas.icesp.br/index.php/FINOM\\_Humanidade\\_Tecnologia/article/view/4838](https://revistas.icesp.br/index.php/FINOM_Humanidade_Tecnologia/article/view/4838). Acesso em: 15 jul. 2025.

SILVA, Lucyana Nayara Afonso. Controvérsias científicas em evolução biológica: análise de livros didáticos aprovados pelo PNLD 2018. 2024. Disponível em: <https://repositorio.uel.br/handle/123456789/16873>. Acesso em: 17 jul. 2025.

SILVA, Marcos Anderson Ferreira da; ANTUNES, Michelle Bueno de Moura Pereira; MACEDO, Leandro Roberto de; et al. Uso da bioinformática como ferramenta de ensino em Biologia. Seven Editora, 2023, p. 1264–1272. Disponível em: <https://sevenpublicacoes.com.br/editora/article/view/535>. Acesso em: 23 jul. 2025.

SOUSA, Francisco Cássio Dias; PAZ, Daniel Araújo; PEREIRA, Josimar Ferreira; et al. Os conflitos no ensino de evolução. Revista Ibero-Americana de Humanidades, Ciências e Educação, v. 11, n. 5, p. 6777–6786, 2025. Disponível em: <https://periodicorease.pro.br/rease/article/view/19465>. Acesso em: 17 jul. 2025.

A TECNOLOGIA NA EDUCAÇÃO EM TEMPOS DE PANDEMIA: PROPOSTAS E VIVÊNCIAS. Luis Fernando Marozo; Sylvia Felix. Rio Grande do Sul, 2022.

VOGLER, Amy J.; SAHL, Jason W.; LEAL, Nilma C.; et al. A single introduction of *Yersinia pestis* to Brazil during the 3rd plague pandemic. PLOS ONE, v. 14, n. 1, p. e0209478, 2019. Disponível em: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0209478>. Acesso em: 17 jul. 2025.

ZABALA, A. Prática Educativa: como ensinar. Porto Alegre: Artmed, 1998.

## 8. APÊNDICES

### 8.1. APÊNDICE A.

Formulário produzido no Google Forms e fornecido aos estudantes.

1 - Você já teve aulas no laboratório de informática da escola? Se sim, que tipo de atividades realizou?

2 - Você já ouviu falar sobre o conceito de pandemias?

- SIM
- NÃO
- OUTRO

3 - Você acha que a evolução dos seres vivos pode estar relacionada com o surgimento de novas pandemias (como a COVID-19) ? Na sua opinião, as pandemias estão relacionadas apenas a vírus ou também podem ser causadas por bactérias e fungos?

- sim
- não
- talvez
- outro \_\_\_\_\_

4 - Você já ouviu falar sobre a Peste Negra/peste bubônica ou sobre a bactéria Yersinia pestis?

- sim
- não
- outro \_\_\_\_\_

5 - Você já estudou anteriormente o conteúdo de Evolução?

- sim
- não
- talvez
- outro

Se você estudou sobre Evolução, gostou de estudar?

- sim
- não
- talvez
- outro \_\_\_\_\_

Para você, a evolução é um processo:

- transformacional
- mutacional
- descendência com modificações
- outro

Qual a teoria evolutiva mais aceita?

- Lamarckismo
- Darwinismo
- Síntese moderna/ neodarwinismo
- outro \_\_\_\_\_

Se você já estudou sobre evolução, você acha os conteúdos de evolução algo:

- DIFÍCIL
- FÁCIL
- Abstrato
- Não estudei
- Outro \_\_\_\_\_

## 8.2. APÊNDICE B

### Sequências nucleicas utilizadas na sequência de aula.

#AE017042.1:12057-13545 *Yersinia pestis* biovar *Microtus* str. 91001 complete genome

1

-----ATTGAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGCGGCAGCGGGAAGTAGTTTACTACTTTGCCGGCGAGCGGCGGACG  
GGTGAGTAATGTCTGGGGATCTGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAACCGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTG  
GGGGACCTTAGGGCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGGTGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTA  
GCTGGTCTGAGAGGATGACCGCCACACTGGAACCTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATG  
GGCGCAAGCCTGATGCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGGCCCTTCGGGTTGTAAGCACTTTACGCGAGGAGGAAGGGGTTGAGTT  
TAATACGCTCAATCATTGACGTTACTCGCAGAAAGACACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGAAGCGTT  
AATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCACGCAGGCGGTTTGTAAAGTCAGATGTAAATCCCGCGCTTAACGTGGGAACCTGCATTTGAA  
ACTGGCAAGCTAGAGTCTTTGAGAGGGGGTAGAATTCAGGTGTAGCGGTGAAATCGGTAGAGATCTGGAGGAATACCGGTGGCGAA  
GGCGGCCCCCTGGACAAAGACTGACGCTCAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAA  
CGATGTCGACTTGGAGGTTGTGCCCTTGAGGCGTGGCTCCGGAGCTAACGCGTTAAGTCGACCGCCTGGGAGTACGGCCGCAAGG  
TTAAAACCTCAATGAATTGACGGGGGCCCGACAAGCGGTGGAGCATGTGTTTAATTCGATGCAACCGCGAAGAACCCTTACTACTCTTG  
ACATCCACAGAATTTGGCAGAGATGCTAA-AGTGCCTTCGGGAACCTGTGAGACAGGTGCTGCATGGCTGTGCTGAGCTCGTGTGTTGAA  
ATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTATCCTTTGTTGCCAGCACGTAATGGTGGGAACCTCAAGGGAGACTGCCGCTGAC  
AAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGCCCTTACGAGTAGGGCTACACACGTGCTACAATGCCAGATACAAAGTGA  
CGCAACTCGCGAGAGCCAGCGGACCACATAAAGTCTGCTGATGTCGGATTGGAGTCTGCAACTCGACTCCATGAAGTCGGAATCGCT  
AGTAATCGTAGATCAGAATGCTACGGTGAATACGTTCCCGGGCCTGTACACACCGCCGTCACACCATGGGAGTGGGTTGCAAAAAGAA  
GTAGGTAGCTTAACCTTCGGGAGGGCGCTTACCCTTTGTGATTCATGACTGGGGTGAAGTCGTAAACAGGTAACCGTAGG

#AE009952.1:12016-13600 *Yersinia pestis* KIM10+ complete genome

1

AATTGAAGAGTTTGCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGCGGCAGCGGGAAGTAGTTTACTAC  
TTTGCCGGCGAGCGGCGGACGGGTGAGTAATGTCTGGGGATCTGCCTGATGGAGGGGATAACTACTGGAACCGGTAGCTAATACCGC  
ATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGACCTTAGGGCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGTGGGGTAATGG  
CTACCTAGGGCAGCATCCTTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCGCCACACTGGAACCTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCA  
GCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGGCCCTTCGGGTTGTAAGCACTTTCA  
GCGAGGAGGAAGGGGTTGAGTTAATACGCTCAATCATTGACGTTACTCGCAGCAAGAAGCACCAGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCGCG  
GTAATACGGAGGGTGAAGCGTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCACGAGGCGGTTTGTAAAGTCAGATGTAAATCCCGCGC  
TTAACGTGGGAACCTGCATTTGAAACTGGCAAGCTAGAGTCTTTGAGAGGGGGTAGAATTCAGGTTAGCGGTGAAATGCGTAGAGAT  
CTGGAGGAATACCGGTGGCGAAGGGCGGCCCTTCGGACAAAGACTGACGCTCAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATA  
CCCTGGTAGTCCAGCTGTAACCGATGTCGACTTGGAGGTTGTCCTTGGAGGCGTGGGAGCTTAACCGGCTTAAGTCGACCCG  
CTGGGGAGTAGCGGCGCAAGGTTAAAACCTCAATGAATTGACGGGGGCCCGACAAGCGGTGGAGCATGTGTTTAATTCGATGCAAC  
CGGAAGAACCTTACTACTCTTGGACATCCACAGAATTTGGCAGAGATGCTAAAGTGCCTTCGGGAACCTGTGAGACAGGTGCTGCATGGC  
TGTGCTCAGCTCGTGTGTTGAAATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTATCCTTTGTTGCCAGCACGTAATGGTGGGAAC  
TCAAGGAGACTGCCGCTGACAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAGTCAATCATGCCCTTACGAGTAGGGCTACACACGCTGC  
ACAATGGCAGATACAAAGTGAAGCGAACTCGCGAGAGTCAAGCGGACACTAAAGTCTGCTGATGCTCCGGATTGGAGTCTGCAACTCGA  
CTCCATGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTAGATCAGAATGCTACGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACACC  
GGGAGTGGGTTGCAAAAAGAGTAGGTAGCTTAACCTTCGGGAGGGCGCTTACCCTTTGTGATTCATGACTGGGGTGAAGTGCCTGAACAA  
GGTAACCGTAGGGGAACCTGCGGTTGGATCACCTCTTACCTAACGATACGCACTTGGCAGTGCCACACAGATGTGCTGAT

#AL590842.1:12292-13763 *Yersinia pestis* CO92 complete genome

1

-----ATTGAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGCGGCAGCGGGAAGTAGTTTACTACTTTGCCGGCGAGCGGCGGACG  
GGTGAGTAATGTCTGGGGATCTGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAACCGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTG  
GGGGACCTTAGGGCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGGTGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTA  
GCTGGTCTGAGAGGATGACCGCCACACTGGAACCTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATG  
GGCGCAAGCCTGATGCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGGCCCTTCGGGTTGTAAGCACTTTACGCGAGGAGGAAGGGGTTGAGTT  
TAATACGCTCAATCATTGACGTTACTCGCAGAAAGACACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGTAATACCGGAGGGTGAAGCGTT  
AATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCACGCAGGCGGTTTGTAAAGTCAGATGTAAATCCCGCGCTTAACGTGGGAACCTGCATTTGAA  
ACTGGCAAGCTAGAGTCTTTGAGAGGGGGTAGAATTCAGGTGTAGCGGTGAAATCGGTAGAGATCTGGAGGAATACCGGTGGCGAA  
GGCGGCCCCCTGGACAAAGACTGACGCTCAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAA  
CGATGTCGACTTGGAGGTTGTGCCCTTGAGGCGTGGCTCCGGAGCTAACGCGTTAAGTCGACCGCCTGGGAGTACGGCCGCAAGG  
TTAAAACCTCAATGAATTGACGGGGGCCCGACAAGCGGTGGAGCATGTGTTTAATTCGATGCAACCGCGAAGAACCCTTACTACTCTTG  
ACATCCACAGAATTTGGCAGAGATGCTAA-AGTGCCTTCGGGAACCTGTGAGACAGGTGCTGCATGGCTGTGCTGAGCTCGTGTGTTGAA  
ATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTATCCTTTGTTGCCAGCACGTAATGGTGGGAACCTCAAGGGAGACTGCCGCTGAC  
AAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAGTCAATCATGCCCTTACGAGTAGGGCTACACACGCTGCTACAATGGCAGATACAAAGTGA  
GCGAACTCGCGAGAGCCAGCGGACCACATAAAGTCTGCTGATGTCGGATTGGAGTCTGCAACTCGACTCCATGAAGTCGGAATCGCT  
AGTAATCGTAGATCAGAATGCTACGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCGTCACACCATGGGAGTGGGTTGCAAAAAGAA  
GTAGGTAGCTTAACCTTCGGGAGGGCGCTTACCCTTTGTGATTCATGACTGGGGTGAAGTTCG-----

>NC\_008150.1 *Yersinia pestis* Antiqua, complete sequence

GATCTTTTTATTTAAAGATCTCTTTATTAGATCTCTTATTAGGATCATGATCCTCTGTGGATAAGTGATTATTCACATGGAAGATCATATAATTA  
AGGAGGATCGTTTGTGTGAGTGACCGGTGATCCTATTGCGTATAGCTGGGATCTAAATGGCATGTTATGCACAGTCACTCGGCAGAAATC  
AAGGTTGTATGTGGATCTACTCCTGCTTTTAAAGCATAGTTATACACATTCCTTCGCGCATCTTTGAGCTAATTAGAGTAAT  
TAATCCAATCTTTGACCCAAATCTCTGCTGGATCCTCTGGTATTTCATGTTGGATGACGTCATTTCTAAACCCAAACCGTTGAGCACCTTGT  
GCGATCAATTTGATCCAGTTTATGATTGCACCGCAGAAAGTGTGCATATTTGAGCTGCCTAAACCAACCGCCCAAAGCGTACTTTGG  
GATAAACTCAGGCTTTTGTGTTTCGATCTTCTAATAATGGCTGCAAGTTATCAGGTAGATCCCGGCCACCATGAGTGGATGTCACGATTA  
CCACAGGCCATTCAGCGTAAGTTCGTTCAACTCTGGCCATGAAGTATTTCTGTAGAAAACCCAGCTTCTTCAATTTATCCGCTAAATGT  
TCAGCAACATATTCAGCACTACCAAGCGTACTGCCACTTATCAACGTTATGTCAGCCATTCAAGAACCAACTGAAGTAAGAGCTGGCAT  
TGTACTCTGTGAATCAGCTGGGATCTAGCTGTGGATAATGGGTTAGGTTAAGGAAACCGATCGTACGATGATAGGGTTTT

```
GCAGTATATTAGTGTCTCGGTTGACTGGATCTCATCAATAGTCTGGATTTTGTGATAAGTACCTGCTGCAATGCATCAATGGATTTACACA
TCACCTTAATAAATATGCTGTAGTGCCAGTGGTGTAAATAGGCCTCAACCACTTCTTCTAAGCTTTCCAATTTTTCAAGGCGGAAGGGTAA
TCTTTGGCACTTTTCAAGATTATGCCAATAAAGCAGCAACCGTCAACCCAGTTGTTTTGGGTTAACGTGTACACAAGCTGCGGTAATGA
TCCCTGCTTGCCGCATCTTTCTACTCTTACATGAATAGTTCCGGGGCTAACAGTGAGGTTTTGGCTAATTCAGCATAGGGGTGTGCGTG
CATTTTCCATTAATGCTTTCAGGATGCTGCGATCGAGATTATCGATCTGATAAATTTCACTCATATTTCCCCCGTTTTTTTATCGATATCTCAA
TTATAGTGCCATATAAATTCATTATTAATAAACCAATAAGGCTATATTTGTTATTGGATATTGAATTTAACCCCTCATTCTGTTGCTTAATCGATGACA
AGCCAGTAGGCATAACTA
```

### 8.3. APÊNDICE C

#### 8.3.1. TCLE PARA OS MAIORES DE IDADE

UNIVERSIDADE FEDERAL DE PERNAMBUCO

DEPARTAMENTO DE BIOLOGIA

TERMO DE CONSENTIMENTO LIVRE E ESCLARECIDO

Leia este documento com bastante atenção antes de assiná-lo. Caso haja alguma palavra ou frase que o (a) senhor (a) não consiga entender, converse com o pesquisador responsável pelo estudo ou com um membro da equipe desta pesquisa para esclarecê-los. A proposta deste termo de consentimento livre e esclarecido (TCLE) é explicar tudo sobre o estudo e solicitar a sua permissão para participar do mesmo.

Ao (À) estudante maior de 18 anos de idade, o (a) qual está sendo convidado (a) a participar da pesquisa intitulada "Contribuições do uso de ferramentas de bioinformática no ensino e aprendizagem de evolução envolvendo a temática pandemias causadas pela bactéria *Yersinia pestis*", sob a responsabilidade do pesquisador Matheus Geovane Gomes de Sousa e orientação da Dr.<sup>a</sup> Nara Suzy Aguiar e do Me Alexsandro Alberto da Silva, a qual pretende compreender quais as contribuições da utilização de ferramentas de bioinformática no ensino e aprendizagem da biologia evolutiva a partir da temática pandemias provocadas pela bactéria *Yersinia pestis*.

A sua participação é voluntária e se dará por meio da atitude ativa, ao responder um questionário diagnóstico, vivenciado dentro de três encontros, de duas horas-aulas cada, com 01 hora e 30 minutos de duração, onde será aplicado um jogo didático sobre árvores filogenéticas, debates crítico reflexivo sobre os fundamentos da teoria evolutiva por meio de tirinhas, produção de árvores filogenéticas com o uso de softwares de bioinformática e de mapas mentais, envolvendo conteúdos de genética e evolução no contexto de pandemias provocadas pela bactéria *Yersinia pestis*, durante as aulas de biologia, no ambiente de sala de aula e do laboratório de informática da Escola de Referência em Ensino Médio Professora Helena Pugó, situada na rua Quinze de Março, SN - San Martín, Recife-PE, CEP 50761-275.

Os riscos decorrentes de sua participação na pesquisa poderá ser relembrar os impactos na vida e na saúde mental vividos por muitas famílias durante a última pandemia de COVID-19. Ao aceitar participar na pesquisa, os resultados decorrentes do estudo estarão contribuindo com a produção científica da área de ensino de ciências/biologia, a aprendizagem de conceitos de genética de população e evolução através de uma abordagem temática interdisciplinar sobre pandemias, de ferramentas de dois softwares aplicados na bioinformática, de ações lúdicas, dialógico-problematizadoras e crítico-reflexivas.

Se depois de consentir sua participação desistir de continuar participando, tem o direito e a liberdade de retirar seu consentimento em qualquer fase da pesquisa, seja antes ou depois da coleta dos dados, independente do motivo e sem prejuízo a sua pessoa.

Não está previsto nenhum tipo de pagamento pela participação na pesquisa e não terá nenhum custo com respeito aos procedimentos descritos. As despesas serão pagas pelo orçamento da pesquisa e os resultados serão analisados e publicados em eventos e revistas/periódicos da área de ensino/educação em ciências/biologia nacional e/ou internacional. Por ocasião da publicação dos resultados, seu nome será mantido em sigilo absoluto, bem como em todas as fases da pesquisa.

É garantido o livre acesso a todas as informações e esclarecimentos adicionais sobre o estudo e suas consequências a qualquer momento do desenvolvimento do estudo. Para isso, poderá procurar o pesquisador no

endereço rua Dom Manuel de Medeiros, SN – Dois Irmãos, Recife-PE, CEP 52171-900, no número de telefone (81) 9 8402-4750 ou no endereço de e-mail: [matheus.geovane@ufrpe.br](mailto:matheus.geovane@ufrpe.br)

#### Consentimento Pós-Informação

Eu, \_\_\_\_\_, fui informado sobre o projeto “Contribuições do uso de ferramentas de bioinformática no ensino e aprendizagem de evolução envolvendo a temática pandemias causadas pela bactéria *Yersinia pestis*” que o pesquisador quer fazer e porque precisa de minha colaboração, deixo claro que entendi a explicação. Por isso, concordo com a participação no projeto, sabendo que não vai haver ganho nenhum e que pode sair quando quiser. Este documento foi emitido em duas vias que serão ambas assinadas por mim e pelo pesquisador, ficando uma via com cada um de nós.

Data: \_\_\_\_/\_\_\_\_/\_\_\_\_

\_\_\_\_\_  
Assinatura do participante menor de 18 anos de idade

\_\_\_\_\_  
Assinatura do pesquisador

### 8.3.2. TCLE PARA MENORES DE IDADE

#### UNIVERSIDADE FEDERAL DE PERNAMBUCO DEPARTAMENTO DE BIOLOGIA TERMO DE CONSENTIMENTO LIVRE E ESCLARECIDO

Leia este documento com bastante atenção antes de assiná-lo. Caso haja alguma palavra ou frase que o (a) senhor (a) não consiga entender, converse com o pesquisador responsável pelo estudo ou com um membro da equipe desta pesquisa para esclarecê-los. A proposta deste termo de consentimento livre e esclarecido (TCLE) é explicar tudo sobre o estudo e solicitar a sua permissão para participar do mesmo.

Aos senhores pais e/ou responsáveis do (a) estudante menor de 18 anos de idade, o (a) qual está sendo convidado a participar da pesquisa intitulada “Contribuições do uso de ferramentas de bioinformática no ensino e aprendizagem de evolução envolvendo a temática pandemias causadas pela bactéria *Yersinia pestis*”, sob a responsabilidade do pesquisador Matheus Geovane Gomes de Sousa e orientação da Dr.<sup>a</sup> Nara Suzy Aguiar e do Me Aleksandro Alberto da Silva, a qual pretende compreender quais as contribuições da utilização de ferramentas de bioinformática no ensino e aprendizagem da biologia evolutiva a partir da temática pandemias provocadas pela bactéria *Yersinia pestis*.

A participação do (a) estudante é voluntária e se dará por meio da atitude ativa, ao responder um questionário diagnóstico, vivenciado dentro de três encontros, de duas horas-aulas cada, com 01 hora e 30 minutos de duração, onde será aplicado um jogo didático sobre árvores filogenéticas, debates crítico reflexivo sobre os fundamentos da teoria evolutiva por meio de tirinhas, produção de árvores filogenéticas com o uso de softwares de bioinformática e de mapas mentais, envolvendo conteúdos de genética e evolução no contexto de pandemias provocadas pela bactéria *Yersinia pestis*, durante as aulas de biologia, no ambiente de sala de aula e do laboratório de informática da Escola de Referência em Ensino Médio Professora Helena Pugó, situada na rua Quinze de Março, SN - San Martín, Recife-PE, CEP 50761-275.

Os riscos decorrentes da participação na pesquisa poderá ser relembrar os impactos na vida e na saúde mental vividos por muitas famílias durante a última pandemia de COVID-19. Se os senhores aceitarem a participação do (a) estudante na pesquisa, os resultados decorrentes do estudo estarão contribuindo com a produção científica da área de ensino de ciências/biologia, a aprendizagem de conceitos de genética de população e evolução através de uma abordagem temática interdisciplinar sobre pandemias, de ferramentas de dois softwares aplicados na bioinformática, de ações lúdicas, dialógico-problematizadoras e crítico-reflexivas.

Se depois de consentir a participação do (a) estudante desistir de continuar participando, tem o direito e a liberdade de retirar seu consentimento em qualquer fase da pesquisa, seja antes ou depois da coleta dos dados, independente do motivo e sem prejuízo ao (à) estudante.

Não está previsto nenhum tipo de pagamento pela participação na pesquisa e não terá nenhum custo com respeito aos procedimentos descritos. As despesas serão pagas pelo orçamento da pesquisa e os resultados serão analisados e publicados em eventos e revistas/periódicos da área de ensino/educação em ciências/biologia nacional e/ou internacional. Por ocasião da publicação dos resultados, o nome do (a) estudante será mantido (a) em sigilo absoluto, bem como em todas as fases da pesquisa.

É garantido ao (à) estudante o livre acesso a todas as informações e esclarecimentos adicionais sobre o estudo e suas consequências a qualquer momento do desenvolvimento do estudo. Para isso, poderá procurar o pesquisador no endereço rua Dom Manuel de Medeiros, SN – Dois Irmãos, Recife-PE, CEP 52171-900, no número de telefone (81) 9 8402-4750 ou no endereço de e-mail: matheus.geovane@ufrpe.br

#### Consentimento Pós-Informação

Eu, \_\_\_\_\_, fui informado (a) sobre o projeto “Contribuições do uso de ferramentas de bioinformática no ensino e aprendizagem de evolução envolvendo a temática pandemias causadas pela bactéria Yersinia pestis” que o pesquisador quer fazer e porque precisa da minha autorização na colaboração do (a) estudante \_\_\_\_\_ menor de 18 anos de idade, deixo claro que entendi a explicação. Por isso, concordo com a participação dele (a) no projeto, sabendo que não vai haver ganho nenhum e que pode sair quando quiser. Este documento foi emitido em duas vias que serão ambas assinadas por mim (pais/responsáveis), o (a) estudante e pelo pesquisador, ficando uma via com cada um de nós.

Data: \_\_\_\_/\_\_\_\_/\_\_\_\_

\_\_\_\_\_  
Assinatura do (a) pai/mãe ou responsável

\_\_\_\_\_  
Assinatura do participante menor de 18 anos de idade

\_\_\_\_\_  
Assinatura do pesquisador