



UNIVERSIDADE ESTADUAL DE CAMPINAS
SISTEMA DE BIBLIOTECAS DA UNICAMP
REPOSITÓRIO DA PRODUÇÃO CIENTÍFICA E INTELLECTUAL DA UNICAMP

Versão do arquivo anexado / Version of attached file:

Versão do Editor / Published Version

Mais informações no site da editora / Further information on publisher's website:

<https://www.revistas.usp.br/revbiologia/article/view/181732>

DOI: 10.11606/issn.1984-5154.v22p1-7

Direitos autorais / Publisher's copyright statement:

©2023 by USP/Instituto de Biociências. All rights reserved.

DIRETORIA DE TRATAMENTO DA INFORMAÇÃO

Cidade Universitária Zeferino Vaz Barão Geraldo

CEP 13083-970 – Campinas SP

Fone: (19) 3521-6493

<http://www.repositorio.unicamp.br>

Dos tentilhões de Darwin ao combate da pandemia: um olhar histórico e atual sobre a importância da Teoria Evolutiva

From Darwin's finches to fighting the pandemic: a historical and current look at the importance of Evolutionary Theory

Felipe André Silva ^{1*} e Mariana Freitas Nery ¹.

Universidade Estadual de Campinas – UNICAMP; Instituto de Biologia; Departamento de Genética, Evolução, Microbiologia e Imunologia.

* Autor correspondente: Felipe André Silva

E-mail: felipebio97@gmail.com

Citação:

Silva FA e Nery MF. Dos tentilhões de Darwin ao combate da pandemia: um olhar histórico e atual sobre a importância da Teoria Evolutiva. *Revista da Biologia*. 2023. Vol. v22.2, p1-7.

<https://doi.org/10.11606/issn.1984-5154.v22p1-7>

Editores: Fabrício Beggiano Baccaro e Henrique Rodrigues Vieira.

Diagramador: Henrique Rodrigues Vieira.

Recebido: 02 Mês 2021

Aceito: 06 Mês 2023



Copyright: © 2023. É permitido copiar, distribuir e modificar o material disponível, desde que seja dado crédito (link para o material original). Licença Creative Commons Attribution (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>)

Resumo: A Teoria da Evolução atualmente é conhecida por dar significado e coesão aos diferentes campos da Biologia. Esse conhecimento é fundamental para aspectos importantes da vida em sociedade, exemplificado agora na pandemia da SARS-CoV-2. O surgimento de um novo vírus, sua dispersão e origem de novas cepas só podem ser entendidas através de conceitos evolutivos tais como mutação, variabilidade genética e seleção natural. Assim, este trabalho faz um resgate histórico da Teoria Evolutiva para mostrar a importância do entendimento da evolução no enfrentamento da pandemia, a qual se mantém atual e fundamental na busca de soluções para questões complexas. Enfatizando a responsabilidade de um ensino crítico que permita a construção do conhecimento evolutivo de forma significativa.

Palavras-chave: SARS-CoV-2; Ensino de Ciências; Biologia Evolutiva.

Abstract: The Theory of Evolution is currently known for giving meaning and cohesion to the different fields of Biology. This knowledge is fundamental to the main aspects of community life, exemplified now in the SARS-CoV-2 pandemic. The emergence of a new virus, its spread, and the origin of new strains can only be understood through evolutionary concepts such as mutation, genetic variability, and natural selection. Thus, this work makes a historical review of Evolutionary Theory to show the importance of understanding evolution in dealing with the pandemic, which shows that it remains current and fundamental in the search for solutions to complex issues, further increasing the responsibility of critical teaching that allows the construction of evolutionary knowledge significantly.

Keywords: SARS-CoV-2; Science Teaching; Evolutionary Biology.

1. INTRODUÇÃO

A diversidade de vida no nosso planeta é surpreendente. São inúmeros organismos com asas, presas, focinhos, membros e formatos de corpos totalmente diferentes. Ainda, existem organismos que não podemos ver a olho nu ou organismos antepassados cujas formas só conhecemos hoje através dos fósseis. Uma análise mais

crítica mostra que muitas destas características estão altamente adaptadas ao meio em que as criaturas habitam, como se houvessem sido moldadas para estarem onde estão. Por muito tempo essa foi a explicação para justificar a biodiversidade: ela havia sido criada pela mente de um sagaz e místico arquiteto, que está presente nas mais diversas histórias de criação, desde as mitologias antigas

às grandes religiões monoteístas. O cenário é distinto dos tempos atuais, já hoje a ciência explica tamanha exuberância e complexidade através da Teoria da Evolução, um conjunto de ideias fortemente sustentadas por diversos tipos de evidências que apontam que todos os seres vivos estão conectados uns aos outros pela ancestralidade, formando uma grande árvore da vida e que as espécies se transformam ao longo do tempo. Como em quase todas as áreas na Ciência, a trajetória até a consolidação de um entendimento natural e evolutivo da biodiversidade foi longa, muitas vezes tortuosa e ainda não chegou ao fim. Para entender o momento que estamos e qual o caminho pavimentado até aqui, é necessário revisitarmos um pouco o passado.

Nos milênios de construção do conhecimento humano sobre a natureza, a ideia de que organismos vivos derivam de outros remonta aos filósofos gregos pré-socráticos (Mayr, 1998). Foi nesse período que surgiram as primeiras hipóteses que não apelavam ao sobrenatural para explicar as características dos seres vivos, mas sim a processos naturais e mecânicos, como a proposta de Anaximandro de Mileto (~610 - ~546 a.C) de que os animais teriam tido uma origem aquática e posteriormente teriam dado origem a animais terrestres (Soncini, 1993). Entretanto, a expansão dessas ideias era refreada pelos conceitos mais religiosos, defendidos por filósofos de enorme influência como Platão (~427 - ~347 a.C.) e Aristóteles (~384 - ~322 a.C.) que acreditavam em um plano superior de organização para a vida.

Durante a Idade Média (período da história da Europa entre os séculos V e XV), a influência da Igreja Católica sobre o pensamento no mundo ocidental atingiu seu ápice. Por conta disso, a maior parte das explicações para dúvidas sobre fenômenos da natureza eram permeadas pela fé cristã. O pensamento predominante da época continuava sendo um pensamento fixista, de que todas as espécies haviam sido criadas independentemente, sem nenhuma relação entre si e da forma como as quais as conhecemos hoje (Freire-Maia, 1990).

O cenário mudou com o movimento Iluminista (século XVIII), que estimulou um pensamento mais

racional e metódico, inspirando a busca por respostas provenientes da lógica e da razão (Soncini, 1993). Partindo destas premissas e com o constante acúmulo de observações e evidências, as primeiras ideias abordando a modificação das espécies foram elaboradas (Figura 1), trazendo importantes conceitos como **ancestralidade comum** (postulado defendido por nomes como Conde de Buffon (1707-1788) e Erasmus Darwin (1731-1802), avô de Charles Darwin) e **modificações das espécies**, pela observação de que espécies encontradas como fósseis eram diferentes das viventes, como notado por Cuvier (1769-1832) (Caponi, 2003).

Uma mudança relevante sobre o entendimento biológico das espécies veio através de Jean-Baptiste Pierre Antoine de Monet, popularmente conhecido como Lamarck (1744-1829). Suas ideias chamaram a atenção para questões da **hereditariedade**, **tendências evolutivas** e **adaptação**, embora mais tarde a maior parte das explicações fornecidas por Lamarck para esses temas tenham se mostrado infundadas. Por exemplo, para Lamarck, o meio agia sobre os seres vivos criando a necessidade de mobilização de sua energia biológica, fazendo-os criar e alterar os órgãos (Freire-Maia, 1990). Hoje sabemos que não funciona dessa maneira, porém Lamarck deve receber o reconhecimento por trazer à tona esses temas importantes.

O inglês Charles Darwin (1809-1882) foi o primeiro a propor uma explicação estritamente científica para a modificação e adaptação das espécies, iniciando o que se transformaria no arcabouço do que hoje conhecemos como Teoria da Evolução. O centro desta teoria científica diz que a evolução é um mecanismo, onde variações ao acaso dos traços hereditários resultam em valores adaptativos diferentes e a **seleção natural** - resultado da diferença no sucesso reprodutivo e sobrevivência dos organismos - é o agente responsável pelas adaptações.

As ideias evolutivas de Darwin surgiram principalmente após uma viagem que ele realizou a bordo do navio Beagle, no qual visitou diversos lugares do globo - incluindo o Brasil (Figura 2). A parada fundamental foi em Galápagos, um arquipélago vulcânico do Oceano

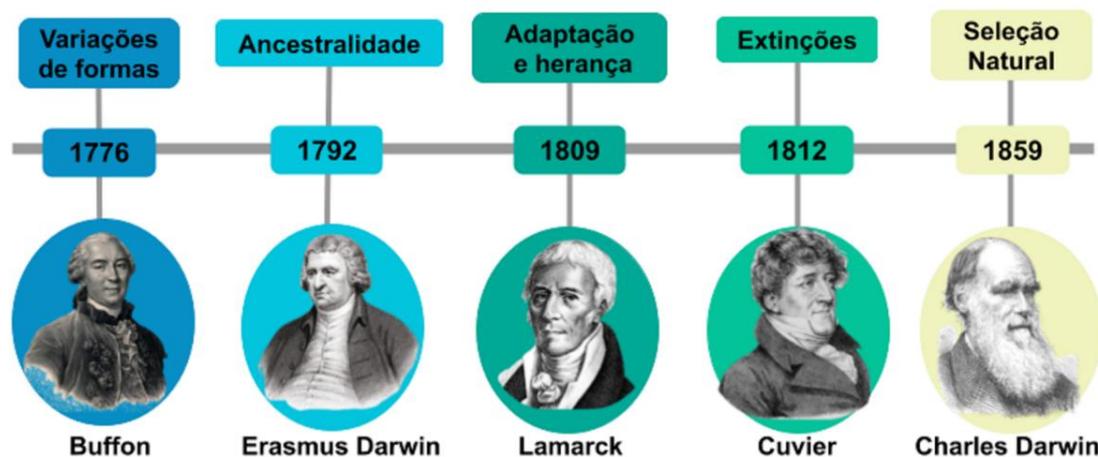


Figura 1. Linha do tempo da construção das ideias evolutivas por vários naturalistas desde o século XVIII até a obra mais conhecida de Darwin: “A origem das espécies” em 1859. **Fonte:** Buffon (R. Burgess, Portraits of doctors & scientists in the Wellcome Institute, London 1973, no. 475.7 - CC BY 2.0 - disponível no repositório digital da *Wikimedia Commons*); Erasmus Darwin (Library reference: Iconographic Collection 765.5 - CC BY 4.0 - disponível no repositório digital da *Wikimedia Commons*); Lamarck (Library reference: ICV No 3528 - CC BY 4.0 - disponível no repositório digital da *Wikimedia Commons*); Cuvier (R. Burgess, Portraits of doctors & scientists in the Wellcome Institute, London 1973, no. 742.8 - CC BY 2.0 - disponível no repositório digital da *Wikimedia Commons*); Charles Darwin (Czech Academy of Sciences - CCO 1.0 domínio público - disponível no repositório digital da *Wikimedia Commons*). Esquema elaborado pelos autores.

Pacífico que abriga espécies isoladas. Darwin notou que embora os organismos das ilhas fossem parecidos, eles possuíam algumas características únicas que os diferenciavam e os permitiam viver em seus respectivos habitats. O exemplo mais famoso consiste nos tentilhões. Dependendo da ilha onde eram coletadas, essas aves possuíam bicos mais grossos e poderosos ou mais finos e delicados. Darwin hipotetizou que os diferentes tentilhões haviam descendido de um único ancestral comum que chegou ao arquipélago e que as especificidades dos alimentos encontrados em cada local exerceram uma pressão seletiva naqueles animais, que seguiram diferentes trajetórias evolutivas ao longo do tempo e terminaram por formar as espécies atuais.

As evidências coletadas ao longo dos anos de exploração foram examinadas minuciosamente por Darwin durante muito tempo, resultando na escrita de vários documentos. Durante este período, Darwin conseguiu estruturar suas ideias em alguns pilares fundamentais como a de que os organismos passam por **modificações ao longo do tempo**, rejeitando assim as ideias fixistas; que as mudanças evolutivas nos organismos são lentas e graduais (**gradualismo**); que os organismos vivos compartilham ancestrais comuns (**ancestralidade comum**); que mudanças evolutivas ocorrem em **populações** e através da **seleção natural** (Mayr, 1991).

Darwin passou muitos anos trabalhando em seu manuscrito principal com as principais ideias mencionadas acima, mas temia divulgar seus resultados devido às fortes pressões sociais e religiosas da época e adiou o quanto pôde a divulgação dos seus achados. O panorama mudou por causa de um outro naturalista britânico chamado Alfred Russel Wallace (1823-1913). De família humilde, Wallace também viajou pelo mundo estudando a biodiversidade e após estudos na Indonésia, desenvolveu ideias bastante similares a respeito da evolução por seleção natural, chegando ao ponto de o próprio Darwin dizer que os escritos do amigo eram resumos perfeitos de sua própria obra (Carmo e Martins, 2006). Assim, em 1858, ambos apresentaram simultaneamente seus trabalhos na Sociedade Linneana de Londres (Darwin e Wallace, 1858) e um ano depois Darwin publicou um tratado mais longo e detalhado sobre o tema no seu livro mais importante: “A origem das Espécies”.

Lançado em 1859, a obra causou enorme impacto e teve todas as cópias vendidas em um só dia. Apesar da aceitação científica das ideias de Darwin, alguns aspectos importantes não eram bem entendidos à época e permaneciam em discussão. A definição de evolução como “descendência com modificação” trazia problemas: quais fatores permitiriam aos pais passarem de geração em



Figura 2. A viagem de Darwin no navio Beagle ao redor do mundo, passando em locais como Austrália, Galápagos e Brasil. **Fonte:** Mapa mundial (CC BY 4.0 - disponível no repositório digital da *Wikimedia Commons*). Esquema elaborado pelo autor.

geração suas características e qual seria a origem das modificações? As respostas vieram mais tarde, em 1900, com a redescoberta dos trabalhos do austríaco Gregor Johann Mendel (1822-1884), que tratavam justamente da transmissão dos caracteres hereditários. Com a união dos conceitos evolutivos de Darwin e os mecanismos de herança de Mendel, a compreensão do processo evolutivo deu um salto significativo, formando o que se convencionou chamar de “Síntese Moderna da Evolução”. Essa nova proposta introduziu aspectos como a **mutação** como a fonte primária da variação genética entre as populações, a importância dos genes e sua herança, aspectos evolutivos como **deriva genética** e **fluxo gênico**, **especiação** entre outros temas fundamentais da evolução biológica (Reif *et al.*, 2000). Desde então pesquisadores de todo o mundo continuam a contribuir para a expansão da Teoria da Evolução e - salvo poucas exceções - sua validade não é questionada no meio científico.

Hoje, a teoria evolutiva constitui-se de um robusto corpo de conhecimento advindo de hipóteses extensivamente testadas para explicar a contínua mudança da vida desde o seu aparecimento. Dentro da Biologia, a evolução é a responsável por unir diversas áreas como a paleontologia, ecologia, genética, taxonomia, fisiologia e embriologia. Toda esta importância pode ser resumida na frase de um dos principais expoentes da Síntese Moderna da Evolução, **Theodosius Dobzhansky (1973): “Nada na biologia faz sentido exceto à luz da evolução”**.

2. MATERIAIS E MÉTODOS

Para entender como a teoria evolutiva é importante na compreensão e combate da pandemia do novo coronavírus, esse trabalho consultou artigos científicos publicados e notícias divulgadas sobre o início e desenvolvimento deste evento global. Essa busca se deu através da plataforma Google Acadêmico, utilizando palavras-chaves como SARS-CoV-2, SARS-CoV-2 natural selection, Covid-19, Covid-19 origin, Spike mutation, SARS-CoV-2 genome e SARS-CoV-2 Sequencing. Como resultado, foram encontrados milhares

de trabalhos disponíveis, porém, como essa pesquisa foi feita no início da pandemia foi dado prioridade para artigos já publicados em revistas científicas em detrimento daqueles ainda em revisão. Para além disso, também foram consultados trabalhos publicados na área da educação e alfabetização científica que discutem como está o ensino de evolução, desde sua implementação até desafios na construção do ensino-aprendizagem. Com base nesses dados, objetivou-se explicar de forma simples e direta aspectos como o que são vírus, a relação entre patógeno e hospedeiro, atuação da seleção natural, a tecnologia do sequenciamento e como todo esse corpo de conhecimento pode ser utilizado para responder essa emergência de saúde. Para além disso, também foram consultados trabalhos publicados na área da educação e alfabetização científica na mesma plataforma, Google Acadêmico, através de termos como Ensino e aprendizagem de evolução, Ensino de evolução, Dificuldades no ensino de evolução. Dos resultados obtidos, foram selecionados aqueles que discutem como está o ensino de evolução, desde sua implementação até desafios na construção do ensino-aprendizagem.

3. RESULTADO

A (r)evolução tecnológica

A quase unanimidade dos cientistas em aceitar a evolução como um fato - explicado pela Teoria Evolutiva - não isenta a Biologia Evolutiva de debates sobre o papel dos mecanismos evolutivos por trás da diversidade do nosso planeta. Longe de enfraquecer a teoria, essas discussões ocorrem para um melhor entendimento da evolução, principalmente devido ao constante aprimoramento das tecnologias, em especial àquelas relacionadas aos estudos genéticos e moleculares.

No final da década de 1970, uma metodologia conhecida como sequenciamento de Sanger revolucionou a genética molecular por apresentar uma técnica altamente eficiente para obter com alta qualidade as sequências de

nucleotídeos de trechos relativamente longos do DNA (Zolet *et al.*, 2017). Esta técnica foi sendo substituída gradativamente por plataformas que comportavam valores em larga escala e o marco inicial para essa nova etapa foi o sequenciamento do genoma humano em 2003, após 11 anos de trabalho com um custo estimado em dois bilhões de dólares e envolvendo o esforço coletivo de diversos laboratórios internacionais. A partir daí e com o constante avanço da tecnologia, os sequenciamentos foram se tornando cada vez mais precisos, rápidos e baratos. Atualmente está disponível o chamado “Sequenciamento de Nova Geração” (Figura 3), aparelhamento moderno que faz o processo milhares de vezes mais rápido e por um preço muito menor (Van Dijk *et al.*, 2014). Isso facilitou o acesso a dados de sequências biológicas e fortaleceu as chamadas ciências *ômicas* como a genômica (ramo que estuda o genoma completo ou parcial de um organismo, focando principalmente na estrutura e função dos genes), proteômica (investiga as proteínas oriundas da expressão gênica de algum tecido, célula ou organismo) e transcriptômica (focada nas moléculas de RNA formadas no processo de transcrição).

Comparar todo o genoma ou partes específicas dele entre diferentes espécies é uma poderosa ferramenta para estudos evolutivos. A Genômica Comparativa permite inferir parentesco evolutivo, conhecer a história biogeográfica, como no caso das migrações humanas (Relethford e Bolnick, 2018). A estudo da genômica comparativa também nos permite saber quais genes são diferencialmente expressos, quais partes estão silenciadas e até mesmo entender quais genes sofreram pressões seletivas durante a trajetória evolutiva de determinada espécie (Enrad *et al.*, 2014). A comparação de genomas dos organismos permite ainda entender aspectos evolutivos importantes para a sobrevivência da humanidade, como a maneira pelo qual um patógeno adquire resistência a medicamentos por mutações e até mesmo de onde doenças surgiram. Por exemplo, a Síndrome da Imunodeficiência Adquirida (AIDS) é uma

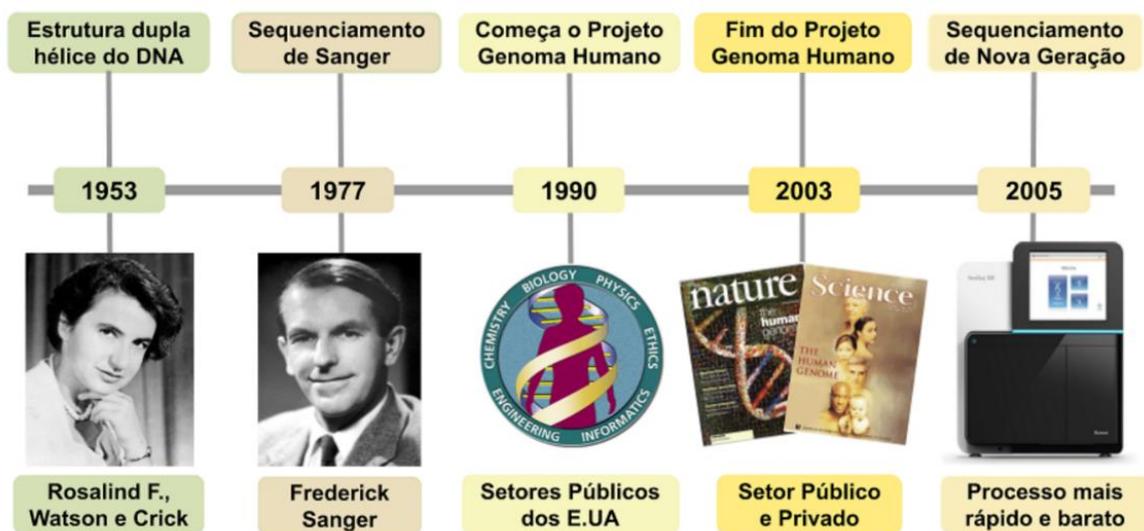


Figura 3. A construção do conhecimento sobre o material genético desde a descoberta da estrutura do DNA até o Sequenciamento de Nova Geração que engloba todo o genoma. **Fonte:** Rosalind Franklin (CCO 1.0 – domínio público – disponível no repositório digital da Flickr); Frederick Sanger (CCO 1.0 - domínio público - disponível no repositório digital da Wikimedia Commons); Projeto Genoma Humano (CCO 1.0 - domínio público - disponível no repositório digital da Wikimedia Commons); Nature (Volume 409, Número 6822, 2001) e Science (Volume 291, número 5507, 2001); Genetics and Inheritance Collection (CC BY 3.0 - disponível no repositório do The Noun Project); Sequenciamento de Nova Geração (Illumina - CCO 1.0 - domínio público - disponível no repositório digital da Wikimedia Commons). Esquema elaborado pelo autor.

doença causada pela infecção do vírus Imunodeficiência Humana (HIV) cujas comparações do material genético com outros vírus evolutivamente próximos permitiram inferir sua origem e chegada aos humanos a partir de primatas como o chimpanzé (Hahn *et al.*, 2000). Finalmente, no cenário atual com a pandemia causada pelo novo coronavírus, a genômica ganha ainda mais relevância e atenção dos cientistas no mundo todo.

A Teoria evolutiva por trás da pandemia

Os vírus são organismos microscópicos caracterizados por serem parasitas intracelulares obrigatórios, ou seja, suas atividades metabólicas de replicação só funcionam depois de entrar nas células do hospedeiro e as obrigarem a fazer cópias de seu material genético, que pode ser DNA ou RNA (Holland e Domingo, 1998). A atual pandemia é causada pelo novo coronavírus, que foi chamado de SARS-CoV-2, nomeado dessa maneira por ser do mesmo grupo do vírus SARS-CoV causador da Síndrome Respiratória Aguda Grave responsável por uma epidemia chinesa em 2002-2003 (Peiris *et al.*, 2003). A pandemia atual começou a ser observada em Wuhan (China), mais precisamente em um mercado que comercializa diversos animais silvestres vivos. Hipóteses como manipulação em laboratório ou até mesmo fabricação do vírus foram levantadas, mas as evidências científicas apontam para uma origem natural (Singh e Yi, 2021). A ideia principal é que algum animal selvagem serviria de reservatório para o vírus, ou seja, o abrigaria sem manifestar a doença. No caso do SARS-CoV-2, existem dois favoritos para o posto de reservatório natural: morcegos, que já foram relacionados com outros coronavírus e pangolins que exibiam vírus muito parecidos com aqueles que estão infectando humanos (Shereen *et al.*, 2020; Lam *et al.*, 2020).

Por dependerem do sucesso da invasão das células de outros organismos, muitos vírus são especializados em parasitar hospedeiros específicos. Porém, o salto entre espécies diferentes pode ser facilitado se o novo infectado for evolutivamente próximo do seu hospedeiro original. Do ponto de vista evolutivo, essa proximidade está relacionada à ancestralidade: quanto mais recente o ancestral em comum, mais próximas elas serão, e maiores as chances de ocorrer o salto de vírus entre as espécies. Mutações que permitem que os vírus invadam diferentes hospedeiros serão favorecidas pela seleção natural, uma vez que seu portador deixará mais descendentes e, portanto, a frequência de tal característica irá aumentar no decorrer das gerações. Trata-se de uma disputa evolutiva, mudanças no vírus que aumentem a capacidade de se estabelecer no hospedeiro serão favorecidas por seleção, enquanto que mudanças no hospedeiro que combatem a infecção e impedem a invasão celular pelo parasita serão favorecidas. Este processo de novas mutações em hospedeiros e parasitas que permitem uma infecção ou uma resposta imunológica mais eficiente é um processo bem conhecido e documentado, chamado de corrida armamentista evolutiva (Van Halen, 1973).

Como hospedeiros que nos tornamos, fizemos a nossa parte nesta corrida armamentista. O avanço da pandemia

mobilizou um esforço científico coletivo sem precedentes, fazendo com que pesquisadores de diferentes partes do mundo trabalhassem integralmente na questão do SARS-CoV-2. O sequenciamento do material genético do vírus foi feito e disponibilizado rapidamente possibilitando que as universidades e centros de pesquisa pudessem estudar aspectos moleculares sobre a linhagem de vírus que chegavam aos países. Tal abordagem metodológica continua a ser aplicada com a intenção de monitorar aspectos epidemiológicos essenciais como a transmissibilidade, patogenicidade, surgimento de novas variantes e também a disseminação geográfica e reintroduções virais nas populações, sendo esse acompanhamento denominado vigilância genômica.

Ter acesso aos genomas das linhagens de SARS-CoV-2 é de fundamental importância para estabelecer a história epidemiológica da doença e de elaborar estratégias para conter a pandemia (Deng *et al.*, 2020; Forster *et al.*, 2020). O olhar genômico também permite entender como se dá o processo de invasão das células hospedeiras, possibilitando desenvolver medicamentos e vacinas, além de proporcionar o acompanhamento das mudanças que o vírus sofre.

Presente nas ilustrações de jornais e portais da internet, os “espinhos” de proteínas que envolvem o vírus são responsáveis pela invasão das células humanas, resultado da interação destes com os receptores celulares chamados de ACE-2 (Shang *et al.*, 2020). A partir desta informação, cientistas do mundo todo passaram a observar com mais atenção o gene responsável por produzir a proteína S - responsável pelos “espinhos” - e perceberam que em algumas variantes existem alterações nesse gene, uma diferenciação genética em relação à variante original chinesa (Korber *et al.*, 2020). Por exemplo, em uma das mutações, chamada de D614G, ocorria a troca do ácido aspártico pela glicina na codificação de proteínas e isso estava associada com o aumento da capacidade infecciosa por ser uma proteína relacionada com os “espinhos”, conferindo ao seu portador mutante maior capacidade de invasão das células do hospedeiro, criando assim uma nova variante denominada G (Volz *et al.*, 2021). Em pouco tempo essa nova variante se tornou dominante em diversos países, resultado da seleção natural. A compreensão da pandemia perpassa por conhecimentos evolutivos centrais: o surgimento de uma nova característica por mutação que confere uma vantagem aos seus portadores e estes deixam mais descendentes, essa característica é passada através das gerações (hereditariedade), fazendo com que sua frequência cresça no decorrer do tempo geracional até que se torne dominante naquela população (seleção natural). São os princípios evolutivos que tanto já conhecemos, desta vez vistos em tempo real.

Mesmo com o avanço no nosso conhecimento sobre o SARS-CoV-2, ainda há muito para descobrir. Há mais de 190 mutações relacionadas ao SARS-CoV-2 descritas, e certamente muitas outras surgirão enquanto o vírus estiver em ampla circulação (Van Dorp *et al.*, 2020). O que fica claro é que entender a evolução, mecanismo fundamentado em uma teoria sólida que se iniciou com os estudos estritamente científicos de Darwin, é de

fundamental importância no atual cenário de pandemia. Torna-se essencial aplicar o nosso conhecimento acerca do mecanismo evolutivo em aspectos fundamentais como o surgimento dos vírus em outros animais, sua transmissão para humanos, mecanismos de invasão, no monitoramento de novas variantes e no desenvolvimento de vacinas. Este conhecimento não vale só para a ampliação do conhecimento entre os pesquisadores, mas também para a população em geral que, ao entender os princípios por trás da disseminação da doença, é capaz de entender a necessidade das medidas sugeridas por autoridades sanitárias, de se tornar mais colaborativa na prevenção do vírus, e em compreender que o combate ao vírus é uma medida coletiva.

Os desafios e a importância do ensino de ciências e evolução

No âmbito do ensino superior, além do curso de Ciências Biológicas, o curso de Medicina também deveria contemplar o ensino de Evolução. O enfrentamento de novos vírus - ou mesmo de patógenos resistentes a medicamentos, que já é um problema grave na atualidade - passa por formar uma nova geração de médicos que compreendam os conceitos evolutivos básicos. É primordial que o ensino de evolução rompa a barreira da Biologia e alcance áreas da saúde como a medicina, favorecendo a formação de profissionais capazes de entender de uma forma mais completa e integrada os desafios que surgirão no futuro.

No âmbito do ensino fundamental e médio, o ensino de evolução é amparado legalmente dentro do sistema educacional brasileiro pelos Parâmetros Curriculares Nacionais (PCN) e também os Parâmetros Curriculares Nacionais para o Ensino Médio (PCNEM) (Souza e Dorvillé, 2014). Porém, apesar desse respaldo, a evolução ainda é um dos temas mais complexos e difíceis de serem tratados na escola, e diversos estudos mostram que seu ensino-aprendizagem não é satisfatório (Silva e Lopes, 2013). Essa dificuldade está relacionada a fatores como abstração, escala temporal, crenças religiosas e até mesmo concepções conceituais erradas dos próprios docentes (Protázio *et al.*, 2020).

A atual pandemia de Covid19 é uma oportunidade para que o ensino de evolução ganhe novos significados, uma vez que se torna comum o aparecimento, nos meios de comunicação de massa, de tópicos como material genético, mutação, sequenciamento genético, PCR, entre outros. É a chance de se ensinar e entender que conceitos que parecem tão distantes nos livros e apostilas têm real importância na vida das pessoas, que existem desafios a serem enfrentados e que a ciência é o caminho para muitas respostas.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Os avanços no conhecimento evolutivo permitiram verdadeiras mudanças de paradigmas, como apresentar o ser humano como uma espécie tão especial quanto todas as outras, dentro de uma gigantesca e complexa história da vida. É essa complexa e robusta Teoria que dá sentido às descobertas de novos fósseis, às diferentes formas dos

animais, às incríveis adaptações dos seres ao seu ambiente e também o surgimento de novas cepas mais contagiosas de um vírus. Seu processo de solidificação, de Darwin até a Teoria Sintética, ganha um novo capítulo na pandemia do coronavírus. As explicações sobre variação genética, mutação e seleção natural que antes eram reservadas aos livros agora saltam aos olhos como respostas pertinentes para a atual pandemia da SARS-CoV-2. A Teoria Evolutiva, nascida marginalizada nos primórdios do pensamento humano sobre a natureza, mostra nesse momento de dificuldade o quanto ela é atual e fundamental no avanço da sociedade, seja para entender a vida que nos rodeia ou mesmo para combater problemas globais.

Conflito de interesse

Os autores declaram nenhum conflito de interesse.

Financiadores

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001 e Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) (2015/18269-1).

Agradecimentos

Agradeço Agnello César Rios Picorelli, Elisa Ramos, Lucas Freitas, Giovanna Selleghin Veiga e Leticia Magpali Moura Estevão pela generosa ajuda com figuras, ideias e revisão.

Contribuições

M.F.N. concebeu a hipótese de pesquisa; F.A.S e M.F.N analisaram os dados e fizeram o manuscrito; todos os autores contribuíram igualmente para a versão final e revisaram o manuscrito.

REFERÊNCIAS

- Caponi, G. 2003. Os modos da teleologia em Cuvier, Darwin e Claude Bernard. *Scientiae Studia*, 1: 27-41.
- Carmo VA, Martins LAP. 2006. Charles Darwin, Alfred Russel Wallace e a seleção natural: um estudo comparativo. *Filosofia e História da Biologia*. 1: 335-350.
- Darwin CR, Wallace AR. 1858. On the tendency of species to form varieties; and On the perpetuation of varieties and species by natural means of selection. *Journal of the Linnean Society of London*, 3: 45-62.
- Deng BX, Gu W, Federman S, Du P, Oliver G, Wang C, Yu G, Bushnell B, Pan CY, Zorn K, Greninger AL, Chiu CT. 2020. Genomic surveillance reveals multiple introductions of SARS-CoV-2 into Northern California. *Science*, 369(6503): 582-587.
- Dobzhansky T. 1973. Nothing in Biology Makes Sense Except in the Light of Evolution. *American Biology Teacher*, 35(3): 125-129.
- Enrad D, Messer PW, Petrov DA. 2014. Genome-wide signals of positive selection in human evolution. *Genome Research*, 24: 885-895.
- Forster P, Forster L, Renfrew C, Forster M. 2020. Phylogenetic network analysis of SARS-CoV-2 genomes. *Proceedings of The National Academy of Sciences*, 17(17): 9241-9243.
- Hahn BH, Shaw GM, De Cock KM, Sharp PM. 2000. AIDS as a zoonosis: Scientific and public health implications. *Science*, 287: 607-614.
- Holland J, Domingo E. 1998. Origin and Evolution of Viruses. *Virus Genes*, 16: 13-21.

- Korber B, Fischer WM, Gnanakaran S, Yoon H, Theiler J, Abfalterer W, Foley B, Giorgi EE, Bhattacharya T, Parker MD, Partridge DG, Evans CM, Silva TI, McDanal C, Perez LG, Tang H, Moon-Walker A, Whelan SP, LaBranche CC, Saphire EO, Montefiori DC. 2020. Tracking changes in SARS-CoV-2 spike: evidence that D614G increases infectivity of the COVID-19 virus. *Cell*, 182(4): 812-827.
- Lam TT, Jia N, Zhang YW, Cao WC, Marcus HHS, Tong YG, We W, Guan Y. 2020. Identifying SARS-CoV-2-related coronaviruses in Malayan pangolins. *Nature*, 583: 282–285.
- Freire-Maia, N. 1990. A evolução dos seres vivos. *Revista de Filosofia*, 17 (51):49-63.
- Mayr, E. 1998. O desenvolvimento do pensamento biológico: diversidade, evolução e herança. Ed. UnB. Brasília, 1107 pp.
- Mayr, E. 1991. One long argument: Charles Darwin and the genesis of modern evolutionary thought. Harvard University Press. Cambridge, 224 pp.
- Peiris JS, Yuen KY, Osterhaus AD, Stöhr K. 2003. The severe acute respiratory syndrome. *The New England Journal of Medicine*, 349(25): 2431–2441.
- Protázio AS, Protázio AS, Lima VB. 2020. Dificuldades em ensinar evolução: uma abordagem centrada na teoria dos sistemas. *Ensino em Foco*, 3(7): 49-61.
- Reif WE, Thomas J, Höufeld U. 2000. The synthetic theory of evolution: general problems and the German contribution to the synthesis. *Theory in Biosciences*, 119: 41-91.
- Relethford JH, Bolnick DA. 2018. Reflections of our past: How human history is revealed in our genes. *American Society of Human Genetics*. Routledge, 2nd Edition. New York, 320 pp.
- Soncini MJ. 1993. A evolução das ideias evolucionistas. *Revista de Ensino de Ciências*, 24: 5-12.
- Silva CSF, Lopes JJ. 2013. Análise documental da produção acadêmica brasileira sobre o ensino de evolução (1990-2010): caracterização e proposições. *Investigações em Ensino de Ciências*, 18(2): 521-550.
- Singh D, Yi SV. 2021. On the origin and evolution of SARS-CoV-2. *Experimental & Molecular Medicine*, 53: 537–547.
- Shereen MA, Khan S, Kazmi A, Bashir N, Siddique R. 2020. COVID-19 infection: Origin, transmission, and characteristics of human coronavirus. *Journal of Advanced Research*, 24: 91-98.
- Souza ECF, Dorvillé LFM. 2014. Ensino de Evolução Biológica: Concepções de professores protestantes de Ciências e Biologia. *Revista de Ensino de Biologia*. 7: 1855-1867.
- Shang J, Ye G, Shi K, Wan Y, Luo C, Aihara H, Geng Q, Auerbach A, Li F. 2020. Structural basis of receptor recognition by SARS-CoV-2. *Nature*, 581: 221-224.
- Van Dijk EL, Auger H, Jaszczyszyn Y, Thermes C. 2014. Ten years of next-generation sequencing technology. *Trends in Genetics*, 30(9): 418-426.
- Van Dorp L, Acman M, Richard D, Shaw LP, Ford CE, Ormond L, Owen CJ, Pang J, Tan CCS, Balloux F. 2020. Emergence of genomic diversity and recurrent mutations in SARS-CoV-2. *Infection, Genetics and Evolution*, 83: 1-9.
- Van Valen, L. 1973. A new evolutionary Law. *Evolution Theory* 1: 1-3.
- Volz E, Verity H, John TMC, Anna P, David J, Áine O' T, Joel S, Robert J, Ben J, Fabricia FN, Sara MR, Samuel MN, Rachel MC, Anada S, Filipe J, Shepherd DJ, Rajiv S, Natasha J. 2021. Evaluating the Effects of SARS-CoV-2 Spike Mutation D614G on Transmissibility and Pathogenicity. *Cell*, 184: 64-75.
- Zolet AC, Turchetto C, Zanella CM, Passaia G. 2017. Marcadores Moleculares na Era genômica: Metodologias e Aplicações. *Sociedade Brasileira de Genética*. Ribeirão Preto, 181 pp.