

**UNIVERSIDADE DO ESTADO DO RIO GRANDE DO NORTE
FACULDADE DE CIÊNCIAS EXATAS E NATURAIS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO MESTRADO PROFISSIONAL
EM ENSINO DE BIOLOGIA**

**PROPOSTA DE SEQUÊNCIA DIDÁTICA PARA O
ENSINO DE FILOGENIA ANIMAL UTILIZANDO
METODOLOGIAS ATIVAS E TECNOLOGIAS
DIGITAIS.**

CLÉRISTON MÁRCIO VIEIRA

MOSSORÓ/RN
2019

CLÉRISTON MÁRCIO VIEIRA

**PROPOSTA DE SEQUÊNCIA DIDÁTICA PARA O ENSINO DE FILOGENIA
ANIMAL UTILIZANDO METODOLOGIAS ATIVAS E TECNOLOGIAS DIGITAIS.**

Trabalho de Conclusão de Mestrado – TCM
apresentado ao Mestrado Profissional em Ensino
de Biologia em Rede Nacional – PROFBIO, da
Universidade do Estado do Rio Grande do Norte,
como requisito parcial para a obtenção do título de
Mestre em Ensino de Biologia.

Área de concentração: Ensino de Biologia

Orientador: Dr. Kleberson de Oliveira Porpino

MOSSORÓ/RN
2019

Catálogo da Publicação na Fonte.
Universidade do Estado do Rio Grande do Norte.

V658p Vieira, Clériston Márcio
PROPOSTA DE SEQUÊNCIA DIDÁTICA PARA O
ENSINO DE FILOGENIA ANIMAL UTILIZANDO
METODOLOGIAS ATIVAS E TECNOLOGIAS DIGITAIS.. /
Clériston Márcio Vieira. - Mossoró, 2019.
112p.

Orientador(a): Prof. Dr. Kleberson de Oliveira Porpino.
Dissertação (Mestrado em Programa de Pós-
Graduação em Ensino de Biologia). Universidade do
Estado do Rio Grande do Norte.

1. Filogenia. 2. Plickers. 3. Metodologia ativas. 4. Peer
instruction. 5. Sala de aula invertida. I. Porpino, Kleberson
de Oliveira. II. Universidade do Estado do Rio Grande do
Norte. III. Título.

CLÉRISTON MÁRCIO VIEIRA

**PROPOSTA DE SEQUÊNCIA DIDÁTICA PARA O ENSINO DE FILOGENIA
ANIMAL UTILIZANDO METODOLOGIAS ATIVAS E TECNOLOGIAS DIGITAIS.**

Trabalho de Conclusão de Mestrado – TCM
apresentado ao Mestrado Profissional em Ensino
de Biologia em Rede Nacional – PROFBIO, da
Universidade do Estado do Rio Grande do Norte,
como requisito parcial para a obtenção do título de
Mestre em Ensino de Biologia.

Área de concentração: Ensino de Biologia

Orientador: Dr. Kleberson de Oliveira Porpino

Aprovada em _____ de _____ de 2019

Prof. Dr. Kleberson de Oliveira Porpino

Universidade do Estado do Rio Grande do Norte -UERN

Prof.^a Ms. Maria da Conceição Vieira de Almeida

Universidade do Estado do Rio Grande do Norte –UERN

Prof.^a Dr.^a. Danielle Peretti

Universidade do Estado do Rio Grande do Norte -UERN

Prof.^a Dr.^a. Dijenaide Chaves de Castro

Centro de Educação Integrada Professor Eliseu Viana – CEIPEV

“Nada na biologia faz sentido exceto à luz da evolução”

Theodosius Dobzhansky

AGRADECIMENTOS

Agradeço inicialmente a Deus por iluminar a minha mente e meus pensamentos. A minha família pelo incentivo nos momentos mais difíceis na execução desse trabalho. Aos amigos pela compreensão nos momentos de ausência. Aos docentes e técnicos administrativos do PROFBIO/UERN por possibilitarem a execução desse programa de mestrado profissional, tão almejado por mim e por outros colegas professores de biologia.

Aos docentes e discentes do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Rio Grande do Norte (IFRN) pela disponibilidade e engajamento na coleta de dados e repasse de informações.

Ao meu orientador Dr. Kleberson de Oliveira Porpino pela dedicação, compromisso e embasamento durante a desenvoltura do trabalho, pela compreensão, e as vezes complacência, na entrega de atividades. Ao Professor Dr. Marcelo Nunes Coelho, docente de Física do IFRN campus Mossoró, pelas generosas contribuições didáticas sobre o uso de metodologias ativas e tecnologias digitais, em virtude de sua larga experiência no assunto.

E por fim, aos colegas de mestrado pelo afago e companheirismo em nossos encontros semanais, como também aqueles que de algum modo contribuíram para a realização de mais uma etapa da minha vida profissional e do meu engrandecimento como pessoa.

Este Trabalho de Conclusão de Mestrado (TCM) foi desenvolvido no Departamento de Ciências Biológicas da Faculdade de Ciências Exatas e Naturais da Universidade do Estado do Rio Grande do Norte, sob a orientação do Prof. Dr. Kleberson de Oliveira Porpino, e contou com o apoio financeiro da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES).

Relato do Mestrando

Instituição: Universidade do Estado do Rio Grande do Norte - UERN

Mestrando: Clérison Márcio Vieira

Título do TCM: Proposta de sequência didática para o ensino de filogenia animal utilizando metodologias ativas e tecnologias digitais.

Data da defesa: 05/07/2019

Durante muito tempo esperei pela oportunidade de participar do Programa de Mestrado Profissional no Ensino de Biologia. Queria cursar uma pós-graduação que possibilitasse, na medida do possível, uma melhoria no meu fazer docente e a proposta do ProfBio atendeu perfeitamente aos meus anseios.

Durante esses dois anos de programa muitas foram as vivências que considero exitosas. Vivências estas proporcionadas pelo empenho e dedicação dos professores, bem como, pela troca de experiências com os colegas. Subsidiadas por uma dose extra de vontade de aprender algo novo, a troca de conhecimento foi se tornando, a cada encontro, algo inevitável e imprescindível.

A impossibilidade de afastamento total de nossas atividades gerou de início, para alguns, uma certa dificuldade, que foi logo compensada diante da possibilidade de testar semanalmente as atividades propostas ao longo do curso. Embora a proposta do mestrado tenha exigido, em alguns momentos, muita perseverança e força de vontade, nunca pensei em desistir, nem tão pouco recuar, pois sabia que a recompensa seria por demais gratificante.

Hoje estou aqui, com a sensação do dever cumprido, de que venci mais uma etapa da minha vida profissional e acima de tudo, com algo bem mais importante que o título de mestre, a certeza de que o meu produto educacional resultante poderá contribuir com a minha prática docente e a dos meus pares.

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	11
2. OBJETIVOS.....	18
3. MATERIAL E MÉTODOS	19
3.1. Local da investigação.....	19
3.2. Sujeitos da pesquisa, critérios de inclusão e exclusão.	19
3.3. Desenho da abordagem.....	20
3.3.1 - Sequência didática (PARTE 1 – <i>Peer Instruction</i>)	22
3.3.1.1 – Introdução	22
3.3.1.2 – Conteúdo abordado.....	23
3.3.1.3 - Passo a Passo.....	24
3.3.2 - Sequência didática (PARTE 2 – <i>Inverted Classroom</i>)	28
3.3.2.1 - Introdução	28
3.3.2.2 – Conteúdo abordado.....	30
3.3.2.3 – Passo a Passo	30
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	32
4.1. Fase 1 - Pesquisa docente	32
4.2. Fase 2 - Pesquisa discente.....	34
4.3. <i>Peer Instruction</i>	39
4.4. <i>Inverted Classroom</i>	40
4.5. Desafios e vantagens para implantação da sequência didática	42
5. CONCLUSÃO	45
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	47
APÊNDICE	50
APÊNDICE A.....	50
APÊNDICE B	54
APÊNDICE C	56
APÊNDICE D.....	58
APÊNDICE E	65
APÊNDICE F	68
ANEXOS	86
ANEXO A.....	86

ANEXO B.....	93
--------------	----

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Fluxograma resumido do passo a passo no método Peer Instruction.	22
Figura 2 - Demonstração da utilização do aplicativo Plickers.	27
Figura 3 - Modelo de card do aplicativo Plickers.....	28
Figura 4 - Fluxograma resumido do passo a passo no método Inverted classroom.	29
Figura 5 – Maiores dificuldades enfrentadas pelos alunos no ensino de filogenia.	32
Figura 6 - Em que conteúdos, os professores entrevistados abordam o tema filogenia.	33
Figura 7 - Quantitativo de professores versus temas abordados em sistemática e filogenia....	33
Figura 8 - Resposta dos alunos para a afirmação: Fiquei torcendo para a aula acabar logo. ...	35
Figura 9 - Resposta dos alunos para a afirmação: Consegui chegar a alternativa correta depois de discutir com os colegas. (Instrução aos Pares)	36
Figura 10 - Resultado da interação entre os alunos durante a Instrução aos Pares.	39
Figura 11 - Alunos construindo a matriz de caracteres	41
Figura 12 - Alunos montando o cladograma e explicando para o restante da turma.	42

RESUMO

Na biologia e em especial no ensino de filogenia, as dificuldades não ficam apenas no plano metodológico; falta de integração entre o estudo de filogenia e evolução, concepções alternativas e crenças religiosas sendo utilizadas para explicação de processos biológicos, ênfase na mera semelhança morfológica superficial entre táxons, em detrimento do parentesco evolutivo e desconhecimento de uma terminologia própria estão entre algumas das dificuldades para compreensão da biodiversidade. A partir de um questionário semiestruturado desenvolvido junto aos professores de biologia do IFRN, analisamos as dificuldades encontradas pelos mesmos no ensino de filogenia animal e desenvolvemos uma sequência didática, baseada em metodologias ativas e tecnologias digitais, que possibilita ressignificar o ensino do referido tema, na medida que estimula a autonomia do educando e o coloca como protagonista na aquisição do conhecimento. Uma melhor utilização do tempo de aula, uma maior interação entre os participantes, o dinamismo provocado pela utilização de vários recursos didáticos simultaneamente e o foco dos alunos em conceitos fundamentais para a compreensão do tema estudado, são algumas das vantagens observadas durante a execução da sequência. Baseado no ganho normalizado “ganho de *hake*” a metodologia se mostrou eficiente principalmente para alunos com baixo rendimento, sendo tal eficiência justificada pelo debate e argumentação que a *Peer Instruction* e *Inverted classroom* provocam durante as aulas.

Palavras-Chave: Filogenia, Métodos ativos, Peer instruction, Sala de aula invertida, Plickers.

ABSTRACT

In biology, especially in the teaching of phylogenetics, the difficulties are not only in the methodological plane. The lack of integration between the study of phylogeny and evolution, alternative conceptions and religious beliefs used as explanations for biological processes, emphasis on the superficial morphological similarity between taxa, to the detriment of evolutionary kinship, and ignorance of a proper terminology are among some of the difficulties for understanding biodiversity. Based on a semi-structured quiz applied to IFRN biology teachers, we analyzed the difficulties they face in the teaching of animal phylogeny. Based on this, we developed a didactic sequence, using active methodologies and digital technologies, that makes it possible to re-significate the teaching of the subject, insofar as it stimulates the autonomy of the students and places them as protagonist in the acquisition of knowledge. A better use of class time, greater interaction among participants, the dynamism prompted by the use of several didactic resources simultaneously and the students' focus on concepts fundamental to the understanding of the studied subject are some of the advantages observed during the execution of the sequence. Based on the standardized "hake gain" methodology, the methodology is efficient mainly for students with low income, and this efficiency is justified by the debate and argument that the Peer Instruction and Inverted classroom triggers during class.

Keywords: Phylogeny, Active methods, Peer instruction, Inverted classroom, Plickers.

1. INTRODUÇÃO

A biologia é, atualmente, uma área de conhecimento muito ampla, envolvendo o estudo dos seres vivos em diferentes aspectos e vários níveis de complexidade, sob diferentes abordagens. Decorre dessa situação que a diversidade de temas e abordagens se traduz geralmente, em dificuldade de se trabalhar os mesmos no ensino médio. Além disso, nesse nível de ensino, o professor ainda se depara com o seguinte dilema: preparar o aluno para o ENEM ou torná-lo um cidadão crítico, consciente e participativo, como a Lei de Diretrizes e Bases da Educação Nacional (LDB)¹ preconiza no Art. 35, seção IV.

Quando enveredamos pela primeira opção, somos considerados conteudistas e na maioria dos casos, nossos alunos apenas memorizam conceitos e definições, a tão conhecida “Concepção Bancária” da educação; quando seguimos a outra vertente, nos deparamos com uma realidade: a educação brasileira não está estruturada para esse fim, pois, embora almeje tal objetivo, esse na prática não se efetiva. Dessa forma, ficamos a nos perguntar: que tipo de educação queremos para nossos jovens? Que pedagogia e/ou modelos educacionais serviriam para diminuir as discrepâncias hoje diagnosticadas na educação brasileira?

Na atualidade, a educação tradicional não difere estruturalmente daquela observada em meados do século anterior. Mas infelizmente, nossos alunos de hoje não aprendem da mesma forma que os do século passado. É comum ouvirmos de docentes a seguinte expressão “já não se fazem mais alunos como antigamente”

Nesse contexto, sabemos que um dos maiores obstáculos enfrentados pelos educadores na atualidade é o desinteresse, a falta de atenção e de foco por parte dos discentes. Uma possível causa dessa situação seria a “apresentação do conteúdo” (MAZUR, 2015, l. 444).

Este desinteresse e falta de motivação dos alunos em relação a determinados conteúdos, pode ser causada pelo modo como ainda apresentamos conhecimentos em sala de aula. Além disso, deveríamos fazer uma análise da diferença de perspectivas entre alunos e professores.

¹ Disponível em: http://www2.senado.leg.br/bdsf/bitstream/handle/id/529732/lei_de_diretrizes_e_bases_1ed.pdf

Acesso em 26/03/2019.

² PEDAGOGIA do OPRIMIDO. Paulo Freire, Disponível em: <http://lelivros.love/book/download-pedagogia-do-oprimido-paulo-freire-em-epub-mobi-e-pdf/#tab-description> Acesso em 26/03/2019.

Existem duas gerações diferentes envolvidas nesse processo: a dos nativos e a dos imigrantes digitais segundo Prensky (2001) citado por Loureiro; Grimm; Mendes (2016). Os nativos são aqueles que já nasceram inseridos em uma cultura digital e suas relações com essas tecnologias foram aprendidas intuitivamente, marcando sua forma de relacionamento com os conhecimentos. A maioria dos professores os imigrantes digitais que se inseriram no mundo da tecnologia, têm uma forma de ensinar que nem sempre está em sintonia com o modo como os nativos aprendem melhor, nem tão pouco despertam maior interesse. Estamos falando de um grande desafio enfrentado por nós professores na atualidade, que é como lidar com as novas tecnologias em sala de aula.

Muitos professores não levam em conta as experiências que os alunos já trazem consigo e não estimulam a discussão sobre o que eles aprendem em casa, na rua, na tv e na *internet* (SOUSA *et al.* 2011). De acordo com essa percepção, torna-se cada vez mais necessário que a escola se aproprie dos recursos tecnológicos, dinamizando o processo de aprendizagem. Como a educação e a comunicação são indissociáveis, o professor pode utilizar-se de um aparato tecnológico na escola visando à transformação da informação em conhecimento.

Nessa perspectiva, o fazer docente ganha significado ainda maior no cotidiano dos alunos, pois uma mudança metodológica, como aplicação de ferramentas que incentive-o a relacionar informações apresentadas de diferentes formas, pode ser o diferencial para a aprendizagem. Segundo Krasilchik (2011, p.82) “o professor de biologia tem um grande aliado para desenvolver discussões em classe: os convites ao raciocínio”.

Bacich e Moran (2018) destacam que a “aprendizagem ganha mais significado quando motivamos os alunos intimamente, quando eles acham sentido nas atividades que estamos propondo”. Desse modo, recai sobre o professor a necessidade de uma vigilância constante na busca de tornar suas aulas mais atraentes e motivadoras, pois só assim o aluno passa a se ver como produtor do conhecimento e não como um mero receptor de informações já prontas e acabadas. Ainda segundo Bacich e Moran (2018)

Metodologias ativas englobam uma concepção do processo ensino e aprendizagem que considera a participação efetiva dos alunos na construção de seu conhecimento, valorizando as diferentes formas pelas quais eles podem ser envolvidos nesse processo para que aprendam melhor, em seu próprio ritmo, tempo e estilo. Quem está no centro, nessa concepção é o aluno e as relações que ele estabelece com o educador, com os pares e, principalmente, com o objeto do saber.

O uso de metodologias ativas na educação começou a ser difundido a partir da implementação do computador nas escolas, e desde então, elas se diversificaram e ganharam

espaço em oposição ao modo convencional de ensino. Instrução aos pares (ARAÚJO *et al.* 2017), sala de aula invertida, aprendizagem baseada em problemas e também em equipes (BACICH *et al.* 2015) são alguns dos exemplos amplamente discutidos nesse contexto. É importante lembrar que metodologias ativas não excluem a possibilidade de uma exposição dialogada, seminários, plenárias, mesas redondas dentre outros; pelo contrário, com frequência são norteadoras em sequências didáticas de sucesso, principalmente quando associadas a tecnologias digitais.

Na disciplina de biologia e em especial na área de filogenia animal, o problema não é diferente: falta de pré-requisitos, desinteresse e aversão ao tema, são algumas das reclamações percebidas por aqueles que diariamente trabalham no ensino deste conteúdo.

Surgindo nos anos 50 e desenvolvida pelo entomólogo alemão Willi Henning, “a sistemática filogenética propõe, entre outras coisas, que as classificações biológicas reflitam, de forma inequívoca, o conhecimento atual sobre as relações de parentesco entre os táxons” (HENRIQUE; SOUZA, 2013), e que as mesmas deveriam se basear no reconhecimento de grupos monofiléticos, também denominados de grupos naturais. Assim, empregando métodos próprios e formas de representação mais claras das relações evolutivas (cladogramas), a sistemática filogenética é hoje a corrente de pensamento que alicerça e permite corrigir alguns erros ainda diagnosticados no ensino de zoologia.

Como sabemos, as dificuldades no ensino de filogenia não ficam apenas no plano metodológico, o problema vai muito mais além. Um dos mais evidentes é a falta de integração entre o estudo da filogenia e evolução.

É sabido que o pilar organizador do conhecimento biológico é o conceito de evolução biológica. O pensamento evolutivo dá sentido às diversas áreas de conhecimentos e permite compreender como organismos aparentemente muito diferentes entre si compartilham atributos, da sua organização celular à constituição química (SANTOS e KLASSA, 2012, p.65).

Ainda segundo os autores, muitos fatores contribuem para a aprendizagem deficiente da teoria evolutiva, incluindo conceitos prévios trazidos pelos estudantes para a sala de aula, suas visões de mundo e crenças religiosas. “A falta de cuidado na exposição da teoria acaba por se refletir em aprendizado deficiente e na perpetuação de interpretações incorretas sobre evolução e assuntos correlatos” (SANTOS e CALOR, 2007, p.1), como exemplo a filogenia.

A ausência de conexão entre evolução e o ensino de conteúdos da biologia, é percebida quando na exposição dos filos animais, por exemplo, acabamos por privilegiar as poucas semelhanças morfológicas dos representantes de cada filo, muitas delas em detrimento das

modificações que estes sofreram ao longo do tempo ou do parentesco evolutivo e homologias entre os mesmos.

A forma de sistematizar os seres vivos vem passando por algumas alterações e isso tem possibilitado, no plano didático, que algumas mudanças sejam percebidas (AMORIM *et al.* 2001). De acordo com esta concepção, os grupos (ou linhagens) não devem ser abordados de forma isolada e nem tão pouco em sequência, um após o outro, pois isso torna o estudo cansativo e pouco significativo. Um outro problema é que a quase totalidade de nossos livros didáticos e professores, abordam o assunto classificação biológica nessa perspectiva.

Considerando o contexto apresentado nos parágrafos anteriores, torna-se evidente que, para tornar o ensino de filogenia mais eficiente, desenvolver sequências didáticas apropriadas utilizando metodologias ativas e tecnologias digitais são ferramentas imprescindíveis na busca por uma aprendizagem com mais sentido para o aluno.

1.1. Biologia e o ensino de filogenia

Para se ter eficiência no ensino de biologia, em especial na sistemática filogenética, entendemos ser uma condição imprescindível, como, aliás, tudo nessa área do conhecimento, a compreensão de que a dinâmica da vida só pode ser explicada se alicerçada pelo conhecimento evolutivo. Remonta a própria existência humana a ideia de classificar os seres vivos, de organizá-los de acordo com suas semelhanças e diferenças.

Em linhas gerais, pode-se depreender que o início da sistemática deu-se com o desejo do homem de sumarizar a informação da diversidade biológica que ele podia observar, delimitando classes para este ou aquele grupo de organismos, e identificar entre esses grupos quais tinham existência real (e, portanto, poderiam ser considerados grupos naturais de fato) e quais não passavam de criação da sua própria mente, os grupos não-naturais ou artificiais (DIAS, 2008, p.181).

Teria sido mais difícil a convivência humana, se em algum momento não tivéssemos despertado para a necessidade de agrupar os seres para um determinado fim. Plantas separadas em comestíveis e não-comestíveis, animais em domesticáveis e não-domesticáveis servem para exemplificar, mesmo sem uma intenção científica, a importância de uma classificação. Na história da classificação biológica muitos foram os pensadores que deram sua contribuição para o estudo da diversidade e organização dos seres vivos.

Para TISEO ; CAVARZERE (2018), a classificação biológica da maneira mais próxima à qual conhecemos hoje começou a ser desenvolvida por Aristóteles (348-322 a.C.) no século IV a.C. Este autor empreendeu esforços de classificação em diferentes áreas do conhecimento,

da Filosofia ao mundo natural. Aristóteles separou os animais da época em aquáticos, aéreos e terrestres, embora o critério utilizado, para nós hoje seja descabido, pois não reflete parentesco evolutivo, demonstra uma necessidade percebida por ele; a de que para estudar os seres vivos, a organização dos mesmos em grupos seria algo indispensável.

Linnaeus (1758) acreditava na imutabilidade das espécies; para ele uma espécie sempre foi uma espécie e sempre será uma espécie, ou seja, elas não sofreriam alterações ao longo do tempo. Embora as contribuições de Linnaeus tenham tido um certo significado na época, para a sistemática atual esse pensamento tornou-se ultrapassado e não reflete mais os anseios da sistemática moderna.

Desde Darwin, as árvores filogenéticas representam a principal ferramenta para a apresentação e estudo da relação evolutiva entre as espécies. Os diagramas ramificados têm sido usados para representar a história evolutiva desde o nível dos genes individuais, até a diversificação de muitas linhagens de organismos (BAPTESTE *et al.* 2013).

A sistemática filogenética surge como uma metodologia de classificação dos organismos que busca refletir a história evolutiva dos grupos e reuni-los com base no grau de parentesco filogenético. No Brasil esta metodologia foi introduzida mais de dez anos depois, nos cursos de pós-graduação em sistemática e taxonomia. Como geralmente acontece com as novidades científicas, esta inovação demorou cerca de 20 anos para chegar aos cursos de graduação e mais dez anos para chegar ao ensino médio (OLIVEIRA, 2010).

De fato, embora a ideia de sistemática filogenética já tenha sido desenvolvida há bastante tempo, no Brasil, esse pensamento só começou a ser inserido nos livros didáticos do ensino médio por volta de 1990 (COUTINHO; BARTHOLOMEI-SANTOS, 2014). Desde então começamos a nos deparar em sala de aula com uma nova abordagem sobre o modo de organizar o estudo dos seres vivos, abordagem essa com a qual a grande maioria dos professores não conviveu na sua formação acadêmica. Ainda segundo os autores:

Para ensinar evolução com sucesso, os professores precisam estar preparados, com uma compreensão conceitual do tema e com estratégias curriculares eficazes. O professor que desenvolve esse conhecimento será capaz de ajustar a instrução em resposta às necessidades e às dúvidas dos alunos. (COUTINHO; BARTHOLOMEI-SANTOS, 2014).

Diante do exposto, evidencia-se como necessidade emergente, a busca por alternativas de como trabalhar a diversidade atual seguindo o viés evolutivo e o “pensamento em árvore” (*tree thinking*).

1.2. Métodos ativos de ensino associados a tecnologias digitais.

Muitos são os neologismos utilizados para se referir a novos modelos de ensino que colocam o aluno no protagonismo da sala de aula, que estimulam a autonomia do educando, que empoderam o estudante na busca do conhecimento. Metodologias ativas de ensino, aprendizagem significativa, gamificação, dentre outros, são alguns dos termos utilizados quando queremos nos referir as teorias que procuram resolver, ou pelo menos amenizar, uma parte dos problemas da educação atual.

Levados por esse movimento de melhoria do ensino, somos diariamente bombardeados com muitas ideias interessantes, algumas delas com o poder de instigar a consulta e, aguçar a curiosidade. Uma das metodologias ativas que nos chamou atenção foi a *Peer Instruction*.

O *Peer Instruction* (PI) surgiu por volta de 1990, seu idealizador, Eric Mazur, era professor de física introdutória na Harvard University e começou a perceber, depois de ler alguns artigos de Halloun e Hestenes³ que os estudantes entravam em sua disciplina de física tendo fortes crenças e intuições a respeito dos fenômenos físicos, normalmente derivadas de interpretações livres do material apresentado (MAZUR, 2015, l. 367).

No ensino de filogenia temos algo parecido, pois lidamos com a dificuldade de muitos alunos em perceber que alguns processos biológicos só podem ser explicados se baseados na ideia de evolução. Os mecanismos de formação das espécies, o pensamento em árvore em relação aos grupos de seres vivos às vezes é colocado a prova por que simplesmente confrontam as concepções alternativas vigentes no imaginário dos alunos. “Crescemos pensando em termos de analogia e não de homologia. Deste modo, uma reviravolta conceitual é necessária para apresentar um mundo natural em evolução.” (CALOR, 2017). Além disso, existe a dificuldade de entender e aplicar a terminologia e os conceitos próprios do tema filogenia.

A metodologia *Peer Instruction* e a *Inverted Classroom* aqui utilizadas em forma de sequência didática (Apêndice F) poderão colaborar com um ensino de filogenia animal mais dinâmico e atrativo. Ao colocar o aluno no protagonismo de sala de aula, esses métodos ativos de ensino em parceria com alguns aplicativos e técnicas de gamificação, possibilitam ao professor uma maior dinamicidade em suas aulas, ao mesmo tempo que resgatam e estimulam

³ Ibrahim Abou Halloun e David Hestenes, Am. J. Phys, 53, (1985), 1043; ibid. 53, (1985), 1056; ibid. 55, (1987), 455; David Hestenes, Am. J. Phys, 55, (1987), 440.

no aluno a ressignificação do que já sabem, estimulando a autonomia tão desejada para a compreensão de temas, que no ensino tradicional, seriam tratados apenas como conteúdo de memorização.

2. OBJETIVOS

2.1. OBJETIVO GERAL

Desenvolver uma sequência didática, com base em metodologias ativas e com o uso de tecnologias digitais, que possibilite o ensino de filogenia animal na perspectiva de uma aprendizagem efetiva.

2.2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Identificar as dificuldades encontradas pelos professores no ensino de filogenia como diagnóstico para o desenvolvimento de uma sequência didática.
- Analisar e selecionar metodologias ativas e tecnologias digitais atualizadas e avaliar a viabilidade de aplicação no ensino de filogenia.
- Elaborar e testar uma sequência didática com o uso de metodologias ativas em consonância com as novas tecnologias digitais buscando tornar mais efetivo o ensino de filogenia animal.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Local da investigação

A pesquisa foi desenvolvida no Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Rio Grande do Norte (IFRN) *campi* Mossoró. A razão para a escolha do IFRN como alvo dessa investigação, deu-se pelo fato de fazer parte do quadro docente dessa instituição e termos, na modalidade integrada e subsequente, cursos que contemplam em suas ementas o tema filogenia zoológica,

Para facilitar a interação entre professores, e destes com seus alunos, temos o Sistema Unificado de Administração Pública (SUAP) criado pela equipe de desenvolvimento da Coordenação de Sistemas de Informação (COSINF) da Diretoria de Gestão de Tecnologia da Informação (DIGTI) do IFRN para a gestão dos processos administrativos e acadêmicos deste Instituto Federal. Consiste em um módulo de gestão acadêmica que possui várias ferramentas, dentre elas a que permite a aplicação de formulários de pesquisa para toda a comunidade do IFRN.

3.2. Sujeitos da pesquisa, critérios de inclusão e exclusão.

Para um levantamento direto dos principais problemas enfrentados no ensino de filogenia animal, foram colhidos depoimentos de professores da disciplina de biologia do ensino médio, do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Rio Grande do Norte (IFRN). Estes professores lecionam o tema de interesse (filogenia) e se dispuseram a compartilhar suas experiências exitosas, inquietações e descontentamentos. Para tanto, foi aplicada uma versão adaptada do questionário semiestruturado, transversal (Lopes, 2008), com o objetivo de perceber na prática, como são desenvolvidas as aulas referentes a esse tema. As questões abertas do referido questionário (APÊNDICE A) serviram apenas para corroborar com os resultados das questões objetivas, sendo estas últimas, passíveis de uma análise estatística do quantitativo das respostas.

O IFRN conta com 21 *campi* e 59 professores de biologia espalhados pelo território potiguar. Desse total de professores, 45 trabalham o tema filogenia e 15 destes participaram da pesquisa respondendo ao questionário, ou seja, 33% do total de professores que trabalham o tema de interesse.

Foram incluídos na pesquisa os docentes formados em biologia (bacharéis ou licenciados) que estavam em sala de aula, há pelo menos 2 anos e que lecionam o tema filogenia, excluindo-se dessa forma os professores que no momento da coleta de dados ocupavam uma outra função ou estavam afastados para capacitação, como também, os que não lecionavam o tema em questão.

Além dos professores, participaram como sujeitos dessa pesquisa os alunos dos 4º anos dos cursos integrados do IFRN campus Mossoró. A cooperação discente ocorreu principalmente durante a aplicação da metodologia, a partir de uma avaliação sobre a compreensão dos temas estudados. Além disso, após a execução da sequência didática, esses foram convidados a responder um questionário que teve como objetivo averiguar o nível de envolvimento e satisfação dos mesmos durante as aulas.

A referida amostra discente foi constituída por três turmas, totalizando 98 alunos, sendo eletrotécnica (ELT) e edificações (EDF) no período matutino e mecânica (MEC) no período vespertino. Na amostra discente, estavam aptos a participar todos os alunos de nível médio, dos 4º anos de cursos integrados do IFRN *campi* Mossoró, regularmente matriculados, excluindo-se dessa forma os alunos de cursos subsequentes e de nível superior. A turma de eletrotécnica (ELT) era constituída por 36 alunos, sendo que destes, 25 alunos participaram de todas as etapas da metodologia proposta. As turmas de mecânica (MEC) e edificações (EDF) possuíam cada uma, 31 alunos matriculados e destes, participaram da pesquisa em todas as etapas, 27 e 23 alunos respectivamente. Isso resulta em 75 alunos que efetivamente participaram de todas as etapas da proposta metodológica.

Por se tratar de uma pesquisa que tem como público alvo, seres humanos, o questionário aplicado para a coleta de dados foi submetido ao Comitê de Ética em Pesquisa de Seres Humanos (CEP/UERN) e teve sua aprovação em maio de 2018 com o parecer N° 2.605.637.

3.3. Desenho da abordagem

O questionário foi aplicado com os professores em outubro de 2018, na plataforma do IFRN em todo o estado. O convite e os esclarecimentos sobre os objetivos da pesquisa, como também as informações referentes ao TCLE (Termo de Consentimento Livre Esclarecido) foram enviadas via plataforma do IFRN, garantindo total discrição e diminuindo riscos de coerção, coibição e incômodo. A aplicação dos questionários ocorreu via *Google* Formulários,

garantindo a proteção da imagem, confidencialidade e privacidade das informações, bem como o anonimato dos participantes, diminuindo com isso, qualquer constrangimento e desconforto, que pudesse ser causado aos participantes da pesquisa. A assinatura do TCLE dos professores ocorreu no mesmo período e o documento físico de cada participante foi enviado pelo malote interno do IFRN, sendo de responsabilidade do professor pesquisador o seu recolhimento.

Os dados coletados ao final da pesquisa, serão arquivados por cinco anos sob a responsabilidade do pesquisador orientador, Prof. Dr. Kleber de Oliveira Porpino no Departamento de Ciências Biológicas da Universidade Estadual do Rio Grande do Norte. A divulgação dos resultados ocorreu de forma a não identificar os participantes e o responsável.

O convite e os esclarecimentos sobre os objetivos da pesquisa, aos alunos participantes, foram feitos em sala de aula pelo professor, na oportunidade os mesmos conheceram detalhes sobre a pesquisa a ser desenvolvida. Após estes esclarecimentos, os alunos foram convidados a providenciar a assinatura do TCLE e TALE (Termo de Assentimento Livre Esclarecido), sendo o recolhimento das assinaturas e documento físico, de responsabilidade do pesquisador posteriormente. Ressaltemos que os mesmos procedimentos para garantia de proteção de imagem, confidencialidade e privacidade das informações foram mantidos para os alunos.

Depois de desenvolvida as metodologias de instrução aos pares e sala de aula invertida, aplicamos via *Google* formulários (APÊNDICE B), um questionário com o objetivo de saber um pouco das impressões dos discentes em relação a metodologia aplicada. Recebemos um feedback de 73 dos 75 alunos que participaram da pesquisa.

A intenção ao aplicar o questionário era verificar se a metodologia, baseada nas respostas dos alunos, atendeu quanto a aprendizagem do conteúdo trabalhado, aos objetivos traçados em se tratando de aprendizagem. Como relatado anteriormente, tais metodologias possibilitam a autonomia do aluno, além de promover uma maior interação entre os mesmos. Diante disso, fizemos algumas perguntas que, para efeito de análise, nos possibilitou inferir uma opinião acerca da impressão dos mesmos quanto ao uso da metodologia.

A aplicação das metodologias ativas e tecnologia digitais, como também, o questionário para os alunos (APÊNDICE B) ocorreu em março de 2019, quando na oportunidade o assunto filogenia foi trabalhado nas referidas turmas.

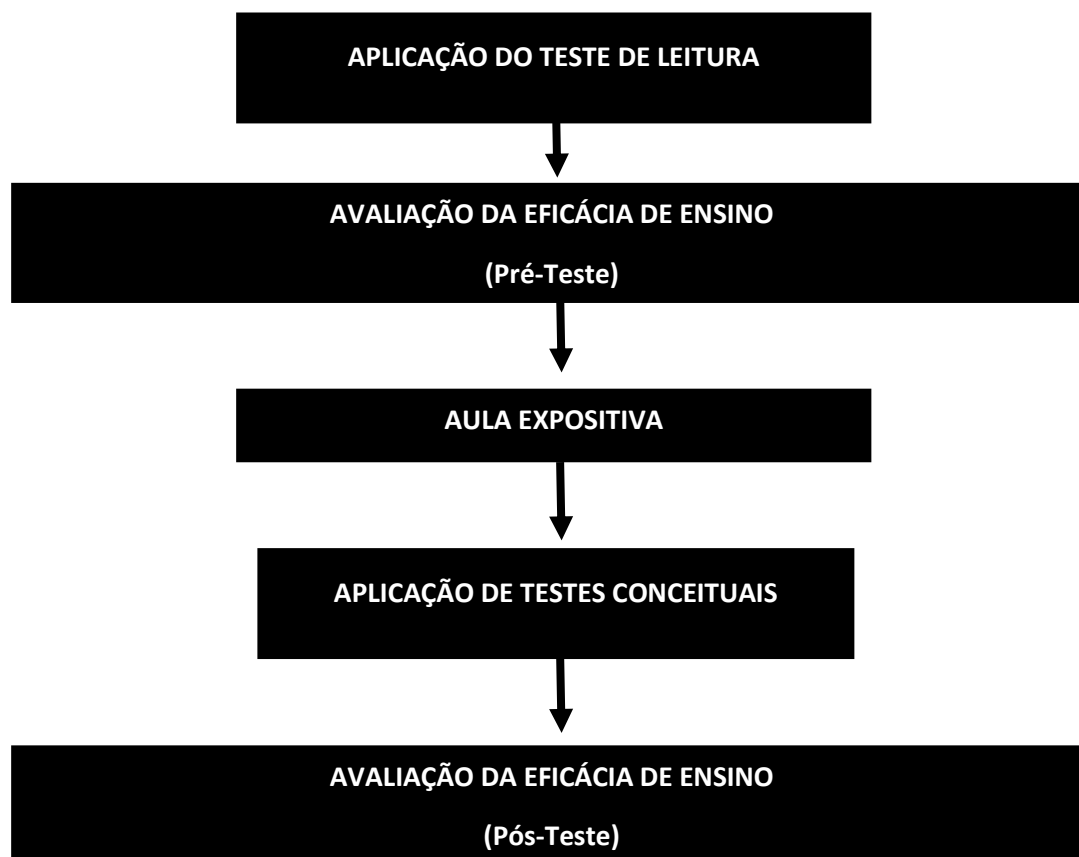
3.3.1 - Sequência didática (PARTE 1 – *Peer Instruction*)

3.3.1.1 – Introdução

Baseado no protagonismo do aluno, no estudo prévio e na interação com seus colegas de classe, através de discussões sobre questões conceituais mediadas pelo professor, o método *Peer Instruction* (PI) tem por objetivo transformar o comportamento do aluno em sala de aula, fazendo com que os mesmos se envolvam de forma mais efetiva na apresentação do conteúdo de ensino. A referida sequência didática foi baseada no livro (Kindle): *Peer Instruction – A revolução da aprendizagem ativa* de Eric Mazur (2015).

Com base no roteiro programático, no capítulo 1 do livro Moderna Plus (Amabis e Martho, 2015) intitulado “Sistemática e Classificação biológica” o método de ensino *Peer Instruction* foi testado apenas no tópico 1.2 do referido capítulo, por ser esse o tópico que mais abrange o tema filogenia. Portanto, todas as etapas descritas nessa sequência, têm por objetivo mostrar o “passo a passo” do método ativo de “instrução aos pares” nessa parte do estudo.

Figura 1 - Fluxograma resumido do passo a passo no método *Peer Instruction*.



Fonte – Imagem do autor.

Cada tópico de aula, para ser tratado, necessita de aproximadamente 15 minutos, sendo entre 7 a 10 minutos para exposição e 5 a 8 para aplicação de testes conceituais. Daí, concluímos que cada hora de aula pode contemplar 4 tópicos, em média. Como as aulas do IFRN tem duração de 45 minutos e temos 15 tópicos de aula, foram necessárias 5 h/a para a aplicação da metodologia.

3.3.1.2 – Conteúdo abordado

LIVRO TEXTO – AMABIS E MARTHO
VOLUME II – BIOLOGIA DOS ORGANISMOS
CAPÍTULO 1 - SISTEMÁTICA E CLASSIFICAÇÃO BIOLÓGICA
TÓPICO 1.2 – Classificação Biológica e Parentesco Evolutivo.
TÓPICOS DE AULA
▪ Classificação biológica e a teoria evolutiva
▪ Contribuição de Darwin para a classificação atual
▪ Homologias evolutivas
▪ Analogias evolutivas
▪ Convergência evolutiva
▪ Irradiação adaptativa
▪ Sistemática moderna
▪ Objetivos da sistemática
▪ Sistemática filogenética
▪ Cladogramas
▪ Conceitos básicos
▪ Plesiomorfia e simplesiomorfia
▪ Apomorfiae sinapomorfia
▪ Grupos monofilético e parafiléticos
▪ Grupos polifiléticos

3.3.1.3 - Passo a Passo

Passo 1 - Aplicação do teste de leitura

Antes de cada aula, o estudante recebeu via SUAP/IFRN (Sistema Único de Administração Pessoal), um material que o auxiliou nas respectivas seções de leitura feitas preliminarmente. Esse material, chamado de “notas de aula” (ANEXO A), continha informações e dicas sobre os pontos importantes da leitura. Para a aula sobre filogenia foram disponibilizados dois textos auxiliares, como também, as páginas do livro texto a serem lidas. É importante destacar que o referido teste objetivou averiguar se a leitura foi feita preliminarmente ou não, o mesmo não avalia a compreensão do conteúdo. O teste de leitura foi feito no início da aula e teve duração de 5 minutos. Sua aplicação foi subsidiada por um QR Code⁴, confeccionado antecipadamente e disponibilizado para os alunos, momentos antes da aplicação. Esse depois de fixado no quadro branco, com o uso da câmera do celular ou dispositivo similar, foi capturado. Feita a leitura do QR Code, o aluno foi direcionado a um formulário⁵ do *Google*, onde encontrava-se o teste de leitura (APÊNDICE C).

Passo 2 – Teste de avaliação da eficácia do ensino

O teste de eficácia do ensino (APÊNDICE D) foi desenvolvido para medir a compreensão dos estudantes sobre um tema estudado. As questões que compunham o teste de eficácia apresentavam níveis de dificuldade diferentes. O objetivo para tal escolha era fornecer subsídios, a partir das respostas dos alunos, para uma análise além do quantitativo. Para efeito de pesquisa o teste foi dividido em duas etapas, um pré-teste e um pós-teste. O pré-teste foi aplicado na primeira aula, antes de executar a metodologia do *Peer Instruction*.

O pré-teste e o pós-teste contêm as mesmas questões, mas para ter eficácia os alunos não podiam estar cientes dessa informação, para isso lhes foi informado que o pré-teste era apenas para se ter uma base quanto ao nível de conhecimento da turma, para adequação, a *posteriore*, da argumentação necessária durante as aulas.

⁴ Disponível no endereço: <http://e-lemento.com/> Acesso em 16/02/2019

⁵ Disponível no endereço: <https://www.google.com/intl/pt-BR/forms/about/> Acesso em 16/02/2019

O pós-teste, foi aplicado ao final da discussão do tema. É importante lembrar que a utilização do pré-teste e pós-teste aqui relatados, ocorreu em função da necessidade de termos uma forma de avaliar as metodologias. Para calcular a eficiência da metodologia, a partir da análise dos dados, usamos um teste normalizado denominado “Ganho de *Hake*” ou máximo de ganho realizável (HAKE, 1998), podendo ser calculado pela seguinte fórmula:

Legenda:
G = Ganho de Hake
S = Score

$$G = \frac{{}^S \text{Pós-Teste \%} - {}^S \text{Pré-Teste \%}}{100 \% - {}^S \text{Pré-Teste \%}}$$

Nessa equação a porcentagem S Pós-teste %, corresponde a porcentagem de acertos no pós-teste aplicado para os alunos e a porcentagem S Pré-teste %, refere-se a porcentagem de acertos dos alunos no teste de diagnóstico aplicado antes do processo.

Para exemplificar o funcionamento da fórmula vejamos os resultados hipotéticos de um aluno submetido ao pré-teste e pós-teste, supondo que no pré-teste o aluno tenha conseguido uma nota 30 de um total de 100 pontos e que no pós-teste, depois de aplicado a metodologia em questão, o aluno obteve uma nota 80. Aplicando na fórmula, temos:

$$G = \frac{{}^S 80 - {}^S 30}{100 - {}^S 30} \qquad G = \frac{50}{70} \qquad G = 0,714 \text{ ou } 71,4\%$$

Com base no máximo de ganho realizável, podemos dizer que nesse exemplo hipotético, o aluno conhecia, sobre um determinado tema estudado, apenas 30% de sua totalidade. Após a aplicação da metodologia, esse conhecimento passou para 80%. Em outras palavras ele saiu de uma média 3,0 para uma média 8,0, o que dá em termos percentuais, um máximo de ganho realizável de aproximadamente 70%.

O ganho de Hake apresenta três classes de ganho normalizado segundo Araújo *et al.* (2017). Turmas de ganho baixo apresentam valores de $G < 0,30$. Nas turmas de ganho médio, os valores de G estão no intervalo de $0,30 < G < 0,70$. Já as turmas com ganho normalizado igual ou superior a 0,70 são consideradas classes de ganho alto.

Na literatura nacional encontramos valores $0,10 < G < 0,20$ para classes submetidas a métodos tradicionais (p. ex. BARROS *et al.*, 2004). Ainda segundo Araújo *et al.* (2017), valores

ligeiramente diferentes são encontrados nos trabalhos de Mazur (2015). Para esse último, turmas em que a metodologia pode ser considerada satisfatória devem apresentar $G > 0,36$.

Passo 3 – Aula expositiva

Na metodologia *Peer Instruction* (PI), as aulas convencionais ganham um novo significado. Através de apresentações de curta duração são enfocados os tópicos importantes da aula, permitindo, com isso, um certo nível de compreensão e aprofundamento. Não temos no *Peer Instruction* uma exposição do conteúdo com um nível de detalhamento observado no livro texto, por exemplo. A exposição dos temas da aula foi feita através de uma apresentação no *software Power Point*. Justifica-se a escolha desse recurso em virtude da facilidade de utilização, bem como, pela agilidade que o mesmo proporciona à aplicação dos testes conceituais e aplicativos de respostas rápida.

Passo 4 – Testes conceituais

Segundo Diniz (2015) a aula PI é baseada em testes conceituais e de acordo com a porcentagem de acertos em cada questão o professor decide sobre a sequência da aula. Os testes conceituais (APÊNDICE E) sucedem o momento expositivo. Cada um deles é constituído de uma questão que foca o tema escolhido; esses podem ser objetivos e visam incentivar a interação entre os alunos, assim como, direcionar a atenção dos estudantes para os conceitos que são considerados fundamentais. Ressaltamos que os testes conceituais foram aplicados logo após o momento expositivo. Sua aplicação, em geral, apresenta o seguinte formato:

1. Proposição da questão	1 minuto
2. Tempo para os estudantes pensarem	1 minuto
3. Os estudantes anotam sua resposta individual e o professor faz o registro delas.	
4. Os estudantes discutem com os colegas (<i>Peer Instruction</i>).	1 – 2 minutos
5. Feedback para o professor (registro das respostas).	
6. Explicação da resposta correta.	2+ minutos

É importante destacar que o desenvolvimento da aula depende do percentual de acerto, dos alunos, no teste conceitual. A aula tem continuidade quando a maioria deles escolhe a resposta correta ($> 70\%$), neste caso seguimos para o próximo tópico. Se o percentual de acertos

for baixo ($< 40\%$), o tópico é retomado, com uma abordagem diferente e mais devagar, e por último é aplicado um novo teste conceitual. Essa retomada é importante, pois evita que as dificuldades enfrentadas pelos alunos não sejam acumuladas ao longo da aula, ocasionando com isso, um certo desinteresse. Se o percentual de acertos estiver entre 40% e 70%, os alunos são incentivados a discutir entre eles as suas respostas (*Peer Instruction*). Depois de discutida a questão, é feito novamente o mesmo teste conceitual e o professor registra o percentual de acerto. Se mesmo assim, nenhuma ou pouca mudança foi percebida, explicamos o resultado do teste e aplicamos um novo.

O recurso utilizado pelo professor para registrar as respostas dos alunos envolveu um aplicativo de resposta rápida chamado *Plickers*⁶. O aplicativo permite que o professor, com uso do seu smartphone, faça um apanhado das respostas dos alunos antes e depois da aplicação da metodologia em questão (Figura 2).

Figura 2 - Demonstração da utilização do aplicativo *Plickers*.

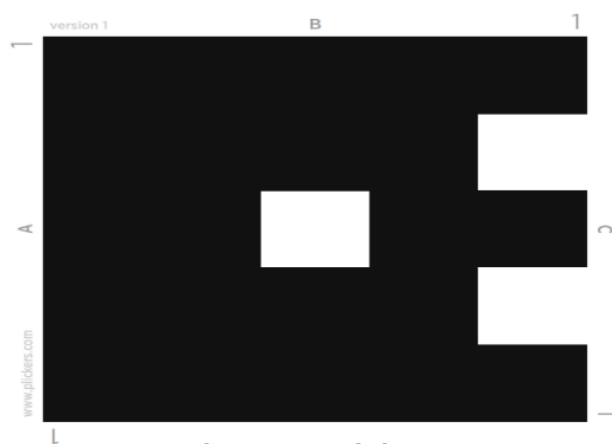


Fonte: Imagem do autor.

O aplicativo possui uma plataforma, disponível gratuitamente na internet. Depois de feito o cadastramento na mesma, é permitido incorporar qualquer questão. Com o uso de *cards* (Figura 3), previamente confeccionados a partir de modelos disponíveis na plataforma e entregue aos alunos no momento da aplicação do teste conceitual, é possível registrar o percentual de acerto de cada um, em cada um dos testes, necessitando para isso, que a turma esteja cadastrada.

⁶ Disponível no endereço <https://www.plickers.com> Acesso em 04/06/2017

Figura 3 - Modelo de *card* do aplicativo *Plickers*.



Fonte: <https://www.plickers.com>

O *plickers* é um dos muitos aplicativos que se destina a coletar, de forma prática e rápida, a resposta objetiva de alguém em um teste sobre um determinado tema. Mas de um modo particular, a razão que nos levou a escolher este aplicativo para executar a coleta das respostas, nos testes conceituais, foi a praticidade com que esses dados são armazenados no seu banco. Por exemplo, é possível saber qual item teve a preferência dos alunos em um determinado questionamento, bastando para isso, observar apenas a tela do aparelho celular. Com isso, a tomada de decisão sobre o próximo passo será bem mais eficiente.

3.3.2 - Sequência didática (PARTE 2 – *Inverted Classroom*)

3.3.2.1 - Introdução

A referida sequência didática foi baseada no livro: **Sala de aula invertida** – Uma metodologia Ativa de Aprendizagem de Jonathan Bergmann e Aaron Sans (2017). De acordo com os referidos autores o que basicamente se inverte é: “o que tradicionalmente é feito em sala de aula, agora é executado em casa e o que tradicionalmente é feito como trabalho de casa, agora é realizado em sala de aula”. (BERGMANN e SANS, 2017)

Ao se fazer uma abordagem de sala de aula invertida, dois pontos são fundamentais: a produção do material para o aluno trabalhar on-line e o planejamento das atividades a serem realizadas na aula presencial:

A proposta da Sala de Aula Invertida é inverter o método tradicional de transmissão do conteúdo em sala de aula. No modelo tradicional, o aluno recebe a primeira exposição do conteúdo em sala e depois realiza atividades de fixação após a aula (dever de casa). No modelo invertido, o aluno tem a primeira exposição ao conteúdo antes da aula, através do estudo prévio de materiais designados pelo professor, e

realiza as atividades de fixação em sala, com o auxílio do professor e dos colegas. (SCHECHTER, 2017, p.2)

Essa estratégia permite que as lacunas na compreensão do conteúdo se tornem mais evidentes tanto para professores como para os alunos, devido à constante interação e orientação na aplicação do conhecimento. Um outro destaque a ser feito é que na metodologia de sala de aula invertida as tecnologias da informação e comunicação são parceiras do processo, pois como nossos alunos cresceram fazendo uso desses recursos, os mesmos se sentem estimulados a desenvolver as atividades interativas sugeridas pelo professor.

Segundo Bacich e Moran (2018) sobre os materiais on-line, a maior parte das estratégias implantadas utiliza vídeos que o professor grava a partir de aulas presenciais. Isso não invalida a utilização de vídeos prontos e disponibilizados em plataformas como *youtube*, desde que, previamente analisados pelo professor.

Para a execução dessa parte do estudo foram necessárias 4 h/a para a aplicação da metodologia. Essa sequência objetiva a construção e análise de um cladograma com base na história evolutiva de organismos hipotéticos.

Figura 4 - Fluxograma resumido do passo a passo no método *Inverted classroom*.



3.3.2.2 – Conteúdo abordado

LIVRO TEXTO – AMABIS E MARTHO
VOLUME II – BIOLOGIA DOS ORGANISMOS
CAPÍTULO 1 - SISTEMÁTICA E CLASSIFICAÇÃO BIOLÓGICA
TÓPICO 2- Construção de Cladogramas
SUBTÓPICO - Análise e construção de Cladogramas

3.3.2.3 – Passo a Passo

Passo 1 – Observação do vídeo

No final da aula anterior de instrução aos pares, os alunos foram apresentados ao tema cladograma. Na oportunidade eles conheceram as normas de leitura e interpretação dessas representações gráficas.

Antecipadamente via SUAP, os alunos receberam uma nota de aula (material de apoio) e um link para assistir a uma vídeo-aula⁷ abordando o tema em questão. A vídeo-aula está disponível no portal e-Aulas da USP e tem duração de aproximadamente 19 minutos, tendo por título “Construindo um Cladograma”.

É importante destacar que para serem estimulados a observação do vídeo e da nota de aula, a participação do professor na sensibilização dos alunos no tocante ao compromisso nessa etapa foi imprescindível, pois isso poderia comprometer as etapas seguintes.

Durante o vídeo foram enfocados alguns aspectos relevantes no estudo de filogenia, e por conseguinte, no estudo de cladogramas. O vídeo aborda conceitos fundamentais na análise de cladogramas, tais como o conceito de homologia, plesiomorfia, apomorfia, parcimônia e grupo-irmão.

Os alunos foram incentivados a assistir quantas vezes quisessem o vídeo, a retroceder e avançar, a anotar as dúvidas e aspectos importantes, oriundos de sua observação nessa etapa do processo.

⁷ Disponível no endereço:

<http://eaulas.usp.br/portal/video.action;jsessionid=1B394A23F577C51524FEDA3657212577?idItem=4597>
Acesso em 12/01/2019

Passo 2 – Atividade de sala

Nos primeiros 20 minutos de aula as dúvidas que emergiram após a observação do vídeo foram dirimidas em sala. Após esse momento, os alunos receberam do professor uma breve explicação, com base em um exemplo hipotético de como confeccionar um cladograma.

Depois disso a turma foi dividida em cinco grupos, ficando cada grupo com 5 ou 6 participantes. De posse do material de apoio⁸, disponibilizado juntamente com o vídeo contendo as informações de como construir um cladograma, cada equipe, foi confeccionando a sua matriz de caracteres com base na história evolutiva de organismos hipotéticos. Cada equipe recebeu uma história evolutiva hipotética diferente (ANEXO B), evitando assim que os cladogramas viessem a ser iguais.

O material de aula⁹ que os alunos receberam é muito explicativo e aborda alguns aspectos importantes, tais como a visualização das semelhanças e diferenças entre as espécies analisadas e sua relação evolutiva, o modo de como codificar os caracteres, como montar uma matriz e avaliar o cladograma, dentre outros.

⁸ Disponível no endereço: <https://www.ebah.com.br/content/ABAAAAMwYAE/cladograma> Acesso em 28/12/2018

⁹ Disponível no endereço: <https://essaseoutras.com.br/como-montar-um-cladograma-dicas-e-o-passo-a-passo-estudo-cientifico/> Acesso em 28/12/2018

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

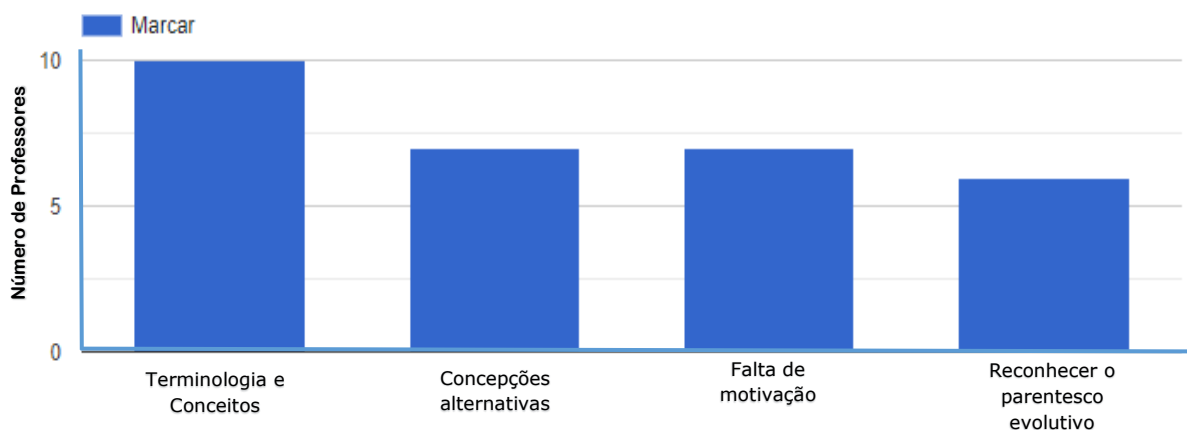
4.1. Fase 1 - Pesquisa docente

Como citado anteriormente, um dos objetivos do trabalho consistiu em coletar impressões dos professores acerca do tema filogenia animal, visando identificar as principais dificuldades enfrentadas pelos mesmos no ensino do referido tema, como também, nortear a análise e viabilidade na execução da metodologia aplicada.

Foram coletados questionários de 15 professores via *Google* formulários (APÊNDICE A). Levando-se em conta o universo da pesquisa, 93,3% dos entrevistados possuem licenciatura em biologia e os demais possuem bacharelado e licenciatura em biologia, este mesmo percentual, quanto às condições de trabalho, se aplica para os entrevistados que são efetivos. A maioria, cerca de 93,3% possui dedicação exclusiva e 100% dos entrevistados trabalha em cursos integrados do IFRN, portanto trabalham o tema filogenia.

Segundo os professores entrevistados, uma das maiores dificuldades enfrentadas no ensino de filogenia é a base conceitual para o estudo das árvores filogenéticas e cladogramas. Para 66,7% dos docentes a maior dificuldade está relacionada a compreensão da terminologia e conceitos e para 40% a maior dificuldade reside em reconhecer o parentesco evolutivo entre as espécies. Esses dados merecem destaque, visto que foram decisivos na escolha da metodologia a ser testada, pois a *peer instruction*, um dos métodos testados na pesquisa baseia-se na compreensão de terminologia e conceitos.

Figura 5 – Maiores dificuldades enfrentadas pelos alunos no ensino de filogenia.

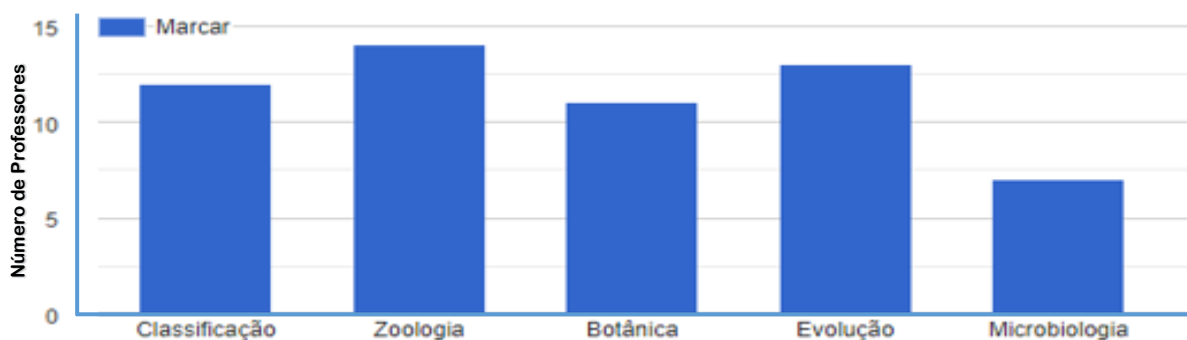


Fonte: Google formulário aplicado pelo autor

Observação – Professores poderiam marcar mais de uma resposta.

Quanto ao ensino de filogenia, foi perguntado ao professor se o mesmo inseria uma abordagem filogenética no ensino da biodiversidade. Para 86,7% dos entrevistados isso é uma prática comum. Quando a indagação foi em qual conteúdo o tema filogenia é abordado. As respostas foram bem variadas, como se pode observar na Figura 6.

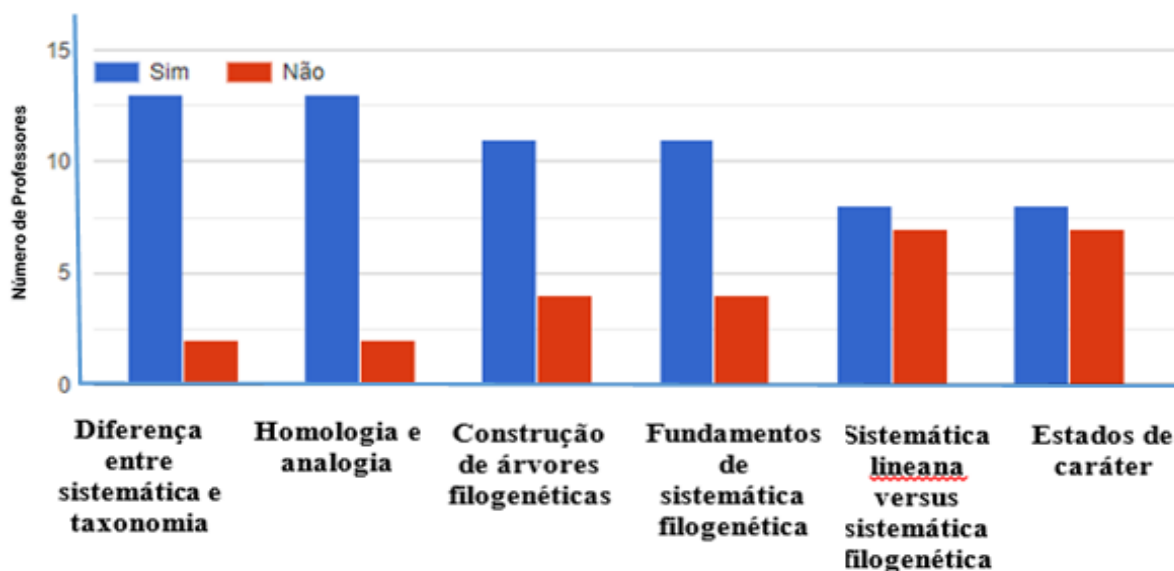
Figura 6 - Em que conteúdos, os professores entrevistados abordam o tema filogenia.



Fonte: Google formulário aplicado pelo autor

Dos professores entrevistados 73,3% considera muito importante o assunto filogenia para a compreensão da biodiversidade. Mas de acordo com os dados apresentados na Figura 7 verifica-se que embora temas como diferenças entre sistemática e taxonomia, homologia e analogia e construção de árvores filogenéticas sejam abordados com relativa frequência pelos entrevistados, o mesmo não se observa para outros temas, como estados de caráter e sistemática filogenética versus sistemática lineana.

Figura 7 - Quantitativo de professores versus temas abordados em sistemática e filogenia.



Fonte: Google formulário aplicado pelo autor

Ainda quanto ao ensino de filogenia, 53,3% dos entrevistados aborda o referido tema em aulas pontuais e específicas, 42,7% aborda de forma contínua no decorrer das aulas sobre os grupos e seres vivos e somente 4% aborda das duas formas.

Quanto aos recursos didáticos utilizados pelos professores para a abordagem do tema filogenia, todos costumam trabalhar com aula dialogada e utilizam *data-show*. Dos quinze entrevistados apenas dois deles fazem uso de gamificação e aplicativos de celular para dinamizar suas aulas e apenas um professor disse usar metodologia ativa como ferramenta de ensino de filogenia.

Para dez dos quinze entrevistados, as maiores dificuldades enfrentadas pelos alunos durante a abordagem do tema filogenia estão associadas a compreensão da terminologia e conceitos. Para sete dos entrevistados, tais dificuldades estão relacionadas às concepções alternativas criadas pelos alunos para explicar fenômenos biológicos, como também, a falta de interesse e motivação dos alunos é ocasionada pelo detalhamento do tema filogenia. Para seis professores entrevistados a dificuldade consiste em reconhecer o parentesco evolutivo entre os grupos. Quando abordados sobre a atratividade dos alunos pelo tema filogenia, 60% considerou razoável, 33,3% considerou pouco atrativo e 6,7% dos entrevistados achou que os discentes são muito atraídos pelo tema filogenia.

Quando perguntados sobre o uso de metodologias ativas e/ou tecnologias digitais no ensino de filogenia, 53,3% dos entrevistados disseram já ter feito uso de metodologias ativas e/ou tecnologias digitais em suas aulas sobre filogenia e quando provocados para citar tais intervenções, as respostas mais frequentes foram o uso de aplicativos de resposta rápida como o *plickers* e o *kahoot* e a aplicação de atividades lúdicas e jogos didáticos. Destaca-se aqui um fato interessante: quase metade dos entrevistados disseram já ter feito uso de metodologias ativas e/ou tecnologias digitais no ensino de filogenia, mas como vimos em outra pergunta, atualmente essas metodologias estão sendo usadas por apenas um professor, ou seja, pouco mais de 10%.

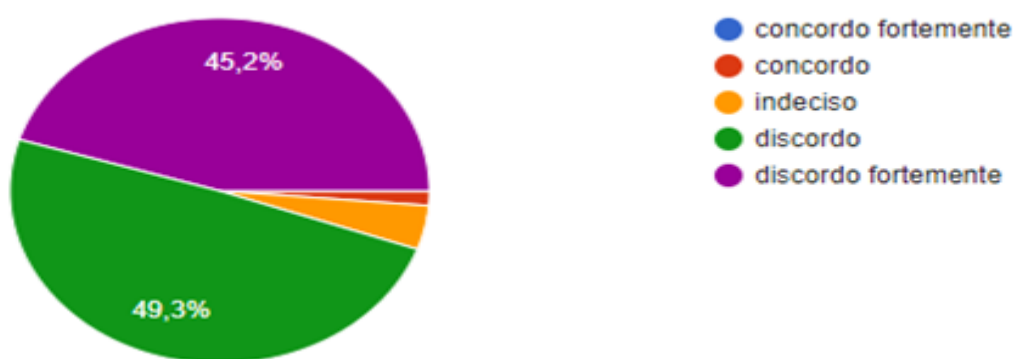
4.2. Fase 2 - Pesquisa discente

No questionário aplicado aos alunos, os questionamentos visaram estabelecer um nível de satisfação e eficácia quanto ao uso das referidas metodologias ativas e tecnologias digitais. A primeira pergunta destinada aos alunos foi referente as metodologias utilizadas durante as

ações desenvolvidas no ensino de filogenia. Para 72,6% dos entrevistados estas foram consideradas ótimas enquanto 26% as consideraram como boas. O percentual restante (1,4%) considerou a metodologia regular ou ruim.

Quando perguntados se essa estratégia de ensino os auxiliou no processo de aprendizagem. A resposta foi afirmativa para 88,2% dos entrevistados, enquanto 11,8% respondeu que esse auxílio foi apenas parcial. Para 66,5% dos entrevistados, depois do uso dessa metodologia e/ou tecnologias digitais o estudo de temas relacionados ao assunto filogenia foram melhor estudados. Na afirmação; fiquei torcendo para aula acabar logo, 45,2% discordaram fortemente da mesma e 49,3% discordaram, o que evidencia, por parte dos alunos, uma maior motivação e comprometimento com as atividades sugeridas em sala.

Figura 8 - Resposta dos alunos para a afirmação: Fiquei torcendo para a aula acabar logo.



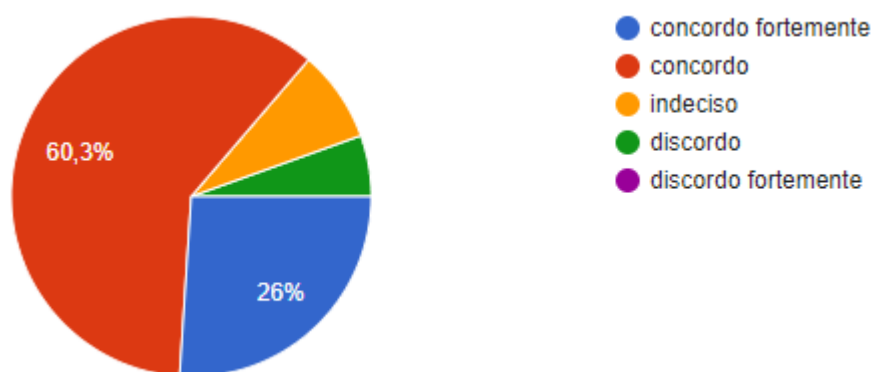
Fonte: Google formulário aplicado pelo autor

A metodologia *Peer Instruction* promoveu uma maior integração entre os alunos da sala. 65,8% dos alunos entrevistados concordam fortemente com essa afirmação e 28,8% apenas concordam. Para 56,2% dos alunos, a instrução pelos colegas foi muito válida na escolha das respostas corretas durante os testes conceituais, sendo que para 31,5% essa metodologia foi apenas válida nesse quesito. Para 2,7% dos alunos a metodologia não ajudou na escolha da resposta correta. Devemos levar em conta que aquele percentual corrobora com a ideia de Mazur (2015, l. 536)

“Normalmente, a melhora é maior quando a porcentagem inicial de respostas corretas está em torno de 50%. Se essa porcentagem for muito mais elevada, haverá pouco espaço para melhora; se for muito menor, haverá poucos estudantes na classe para convencer os demais da resposta correta”.

Quando perguntados sobre as dificuldades em interpretar algumas questões apresentadas durante a aula e se conseguiu chegar a resposta correta depois de discutir com os colegas, as respostas foram as seguintes:

Figura 9 - Resposta dos alunos para a afirmação: Consegui chegar a alternativa correta depois de discutir com os colegas. (Instrução aos Pares)



Fonte: Google formulário aplicado pelo autor

Isso mostra a eficiência da proposta metodológica quanto ao potencial de interatividade entre os alunos durante a sua execução.

Objetivando verificar as contribuições das metodologias utilizadas na sequência didática, como também, se as mesmas proporcionaram algum ganho ou facilitaram a aprendizagem, os alunos foram convidados a se posicionar. As respostas mais repetidas e conclusivas estão mostradas abaixo, da mesma forma como foram escritas pelos mesmos:

QUADRO RESUMO DAS RESPOSTAS DOS ALUNOS
R1. Após combinar com os colegas sobre a resposta correta, tive mais convicção e certeza sobre ela. Outra coisa foi que ao discutir com os colegas percebi que os argumentos estavam no mesmo nível.
R2. Muitas contribuições, pois é algo que inova e sai daquela forma padrão de ensinar.
R3. Além de um método criativo e interessante para mim, acredito que estimula a investigação dentro aula, tendo então participação efetiva nas discussões.
R4. Acho que o uso de métodos ativos de aprendizagem faz despertar no aluno a curiosidade de pesquisar sobre o assunto que será discutido em sala de aula, como foi possível perceber

nas aulas em que a tecnologia do cartão foi utilizado. Onde os alunos foram em busca de conhecer mais para que pudesse responder corretamente as questões levantada. Então, podemos concluir que o uso da tecnologia, da competição e do trabalho em grupo faz com que o aluno se sinta motivado a participar da aula.
R5. Foi de bastante proveito. Quando se passa um conteúdo e responde logo em seguida fica mais fácil de fixar o conteúdo pois você vai tá exercitando um pouco as questões
R6. Gostei bastante da metodologia. Avalio que ela proporcionou maior integração da classe por meio das discussões, que sempre abrem nossa mente acerca do assunto tratado e, assim, facilitam o aprendizado. Além disso, o estudo das questões se torna bem mais dinâmico, atraindo o nosso interesse e atenção para que possamos respondê-las corretamente.
R7. Aplicação rápida do que aprendemos
R8. Pude compreender com mais clareza o assunto lecionado pelo professor, que será de grande ajuda na realização de avaliações.
R9. Além de ser um método estimulante ao aprendizado, ele também promove a integração social com os colegas, trazendo discussões construtivas que fixam os conteúdos, contribuindo assim para o aprendizado.
R10. Uma visão mais ampla e contextualizada do assunto
R11. Ajuda a fixar melhor o conteúdo além de dinamizar a aula
R12. Uma melhor consolidação das informações repassadas, já que essa metodologia nos permite aplicar rapidamente o conteúdo visto, consequentemente facilitando o entendimento do mesmo ou a visualização das possíveis dúvidas que por ventura tenha surgido.
R13. A ideia de aliar a aula com essa tecnologia se apresentou de uma forma funcional e interativa. As questões, seguidas da explicação de uma parte do conteúdo, ajudaram a fixar o que foi explicado em sala de aula. Dar a resposta, e depois dar outra resposta, só que baseado em uma discussão entre os colegas de sala é uma incrível ideia, pois além de promover uma discussão com o objetivo de convencer o colega do por que sua resposta ser a certa, e vice versa, ajudando a entender melhor o conteúdo, também ajudou a tornar a aula mais dinâmica. Achei que essa metodologia foi ótima.
R14. Por fugir da relação hierarquizada de aluno e professor, a aula tornou-se mais atrativa pra mim.
R15. A técnica de assistir pequenos filmes e depois discutir e praticar, como exemplo, na construção dos cladogramas, acaba por incentivar autonomia na gente.

R16. Gostei da sala de aula invertida, achei legal assistir o vídeo várias vezes, quando não entendia.
R17. Gostei de construir cladogramas, mesmo o vídeo não tendo ajudado muito.
R18. A metodologia de sala de aula invertida foi bem proveitosa, pois vimos o vídeo em casa e na sala fomos, em equipe, construir o cladograma daqueles animaizinhos.
R19. Ao construir o cladograma pude exercitar o significado de alguns termos que já havia estudado.

Analisando as respostas dos alunos, percebemos que algumas palavras ou expressões reforçam muito bem o pensamento que alicerça e justifica o uso de metodologias ativas e tecnologias digitais. Autonomia, criação, investigação, contextualização, integração, dinamismo dentre outras, foram terminologias frequentemente utilizadas para descrever o sentimento dos alunos quando submetidos a um processo ensino sob uma ótica diferente do tradicionalismo vigente.

Em se tratando do ganho de *Hake* ou ganho normalizado, com o propósito de facilitar a citação das turmas durante a avaliação dos dados utilizaremos a seguir a denominação (MEC) para a turma de mecânica, (EDF) para a turma de edificações e (ELT) para a turma de eletrotécnica.

A média da turma MEC foi de 0,32, a turma EDF obteve de 0,31, enquanto a turma ELT foi de 0,23. Das três turmas avaliadas, as turmas MEC e EDF obtiveram ganho normalizado compatível com turmas de ganho médio, apenas a turma ELT não obteve pontuação satisfatória. Ressalta-se aqui que o parâmetro de avaliação do ganho de *Hake* baseia-se no intervalo considerado internacionalmente, intervalo esse bem distante dos praticados pelas metodologias tradicionais.

Analisando o total de alunos, dos 75 discentes que participaram da pesquisa, 44 obtiveram média no intervalo considerado de 0,30 a 0,70, ou seja, dos alunos avaliados cerca de 60% dos participantes atingiram ganho normalizado considerado compatível com metodologia ativa.

Um outro dado que nos chamou atenção foi a média de ganho normalizado dos alunos com rendimento no pré-teste inferior ou igual a 60%. Para esses alunos especificamente, a metodologia aplicada mostrou-se mais eficiente. Na turma MEC, por exemplo, a média do ganho normalizado era de 0,32, levando-se em consideração apenas os alunos com rendimento inferior a 60% no pré-teste essa média assumiu o patamar de 0,38%. Na turma EDF esse valor

vai de 0,31 para 0,40. Mas o salto estatístico mais significativo foi observado na turma com menor ganho normalizado. Para a turma ELT o ganho normalizado saltou de 0,23 para 0,39.

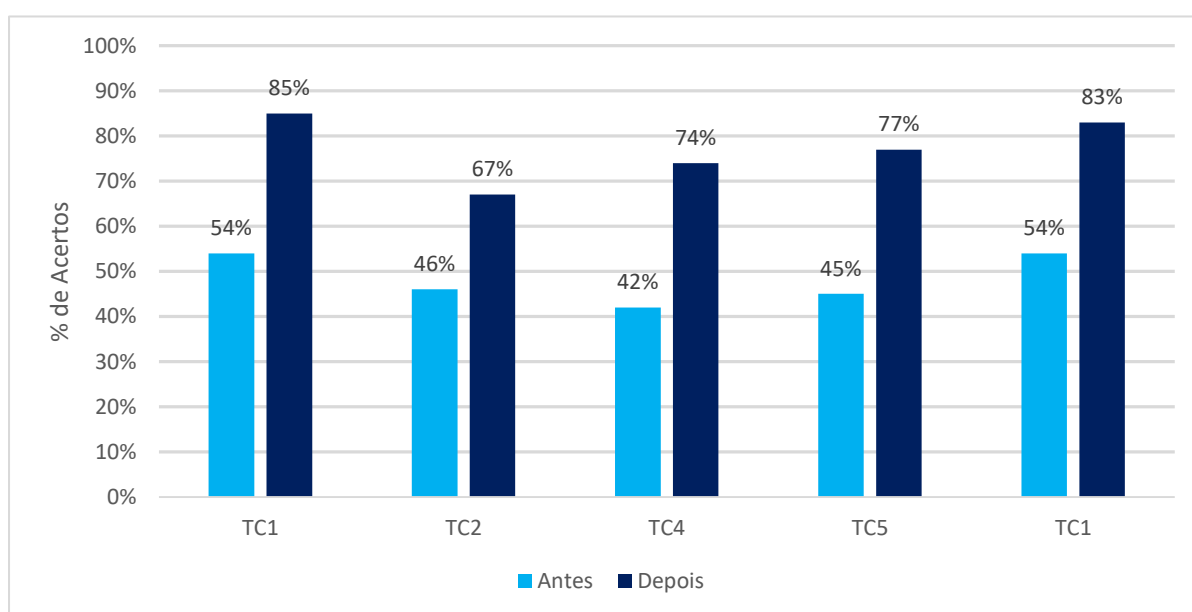
Portanto para duas das três turmas avaliadas, ou seja, para 66% das turmas investigadas o ganho de *Hake* mostrou-se compatível com aqueles adotados pela literatura internacional. Araújo *et al.* (2017) destaca que valores registrados na literatura internacional devem ser considerados com o devido cuidado, pois metodologias em contextos ligeiramente diferentes podem deslocar os valores de ganho normalizado.

4.3. Peer Instruction

Durante a execução da metodologia de instrução aos pares alguns testes conceituais, exigiram, como parte do método, a discussão entre os alunos. Esses testes conceituais encontram-se no apêndice. Os mesmos estão numerados e são reconhecidos pela sigla TC. A Figura 10 mostra o resultado da interação entre os alunos durante a aplicação da metodologia.

Nela estão explicitadas as mudanças do percentual de acertos de alguns testes conceituais nas referidas turmas analisadas. É importante destacar que os referidos testes foram analisados em conjunto, pois foram os que mais geraram dúvidas e discussões nas três turmas. Essa análise serve apenas para mostrar o crescimento percentual das turmas antes e depois da intervenção, não tendo o objetivo de comparar o desempenho de uma turma em relação a outra.

Figura 10 - Resultado da interação entre os alunos durante a Instrução aos Pares.



Fonte: Área do autor na plataforma *Plickers*

O **TC1** faz referência ao impacto da teoria evolutiva sobre a classificação biológica. Na turma MEC, apenas 54% dos alunos marcaram a resposta correta. Diante desse resultado foi sugerido que os alunos argumentassem com os colegas sobre as razões de sua escolha de resposta. Depois de 2 minutos de conversa e argumentação com os pares, foi pedido que eles mostrassem o *card* com a nova resposta escolhida e o percentual de alunos que assinalaram a resposta correta passou a ser de 85%.

O **TC2** exigia dos alunos a compreensão sobre homologia. Nele constava uma imagem de alguns representantes do filo *Chordata* e sobre a mesma eram feitas algumas afirmativas sobre o que ela poderia sugerir. Na primeira captura de resposta apenas 46% dos alunos da turma MEC assinalaram a resposta correta. Depois de aplicada a metodologia de instrução aos pares esse percentual saltou para 67%. O **TC4** relatava um caso de convergência adaptativa em um grupo de mamíferos extintos. No primeiro registro das respostas da turma EDF, apenas 42% dos discentes marcaram a resposta correta, depois de incentivados a discutir e convencer os colegas sobre a sua resposta esse valor percentual foi para 74.

O **TC5** fazia uma abordagem sobre a interpretação de cladogramas. Nesse teste tínhamos uma árvore filogenética de vertebrados e a partir dela eram feitas algumas afirmações sobre o reconhecimento do significado de alguns termos filogenéticos. Na turma de EDF apenas 45% marcaram a resposta correta. Depois de interagir com os colegas e os mesmos emitirem suas opiniões o novo registro das respostas sofreu alteração, passando para 77 o percentual de acertos.

O último teste conceitual apresentado na Figura 5 é semelhante ao **TC1**, a diferença é que este foi aplicado na turma ELT, tendo como registro inicial 54% de acertos e depois da discussão entre os alunos esse percentual foi alterado para 83%.

Um outro aspecto que mereceu destaque foi o fato de que na maioria das questões referentes a cladogramas o índice de acertos foi superior a 70%, não necessitando portanto, nesses casos, de uma nova rodada de discussão e registro de respostas.

4.4. Inverted Classroom

A metodologia utilizada para fortalecer o estudo dos cladogramas foi baseada na metodologia de sala de aula invertida. Depois de aplicar o método de instrução aos pares para o estudo dos cladogramas, a etapa seguinte consistiu em incentivar os alunos a trabalhar em

equipe, na construção do seu próprio cladograma com base em um grupo animal hipotético (ANEXO B).

Uma das dificuldades observadas durante a aplicação da metodologia foi a de sensibilizar os alunos sobre a importância de ver e rever o material disponibilizado na plataforma do IFRN, visto que, esse material dispunha de todos os passos necessários para confecção do cladograma. Como sabemos a aula invertida só funciona a contento se os alunos já vierem de casa com essa etapa cumprida.

Ao visitar as equipes o professor fez a entrega do material de apoio, ao mesmo tempo que dirimiu possíveis dúvidas referentes a montagem e execução do trabalho. Os alunos receberam o grupo hipotético e começaram o trabalho de montar a matriz de caracteres (Imagem 4). Ao passar nas equipes o professor também estimulou os alunos a completar a atividade com eficiência e dinamismo, saindo daquele pragmatismo convencional, que na maioria dos casos, gera desinteresse e ofusca a autonomia do educando. O processo avaliativo teve sua culminância com a exposição do cladograma pelos membros da equipe e a explicitação dos motivos para tal confecção nas duas aulas seguintes.

Figura 11 - Alunos construindo a matriz de caracteres



Fonte: Imagem do autor

Na aula seguinte expuseram para os colegas o cladograma montado e explicitar os motivos para organização dos referidos táxons em seus respectivos lugares (Figura 12).

Figura 12 - Alunos montando o cladograma e explicando para o restante da turma.



Fonte: Imagem do autor

A prática se mostrou bastante eficiente já que ao longo da apresentação do cladograma pelas equipes, algumas incompreensões ficaram evidentes. Como relatado anteriormente, cada sala foi dividida em cinco equipes. Dos 15 grupos formados apenas 1 deles não conseguiu determinar com precisão as relações de parentesco entre os membros do seu grupo hipotético, o que acabou comprometendo a construção da matriz de caractere e a confecção do cladograma. O grupo que não obteve êxito, foi convidado a retomar ao assunto no centro de aprendizagem realizado no turno inverso.

Da amostra observada, 10 grupos fizeram sua exposição utilizando a ferramenta do *office* denominada *Power Point*, as demais equipes utilizaram o quadro branco para fazer sua demonstração. Os conceitos de apomorfia, plesiomorfia, autapomorfia e homologia foram bem utilizados durante a apresentação, demonstrando um certo domínio e segurança pelos discentes, acerca da terminologia apresentada na instrução aos pares.

4.5. Desafios e vantagens para implantação da sequência didática

Como esperado em toda prática educacional que rompe o modo habitual de como apresentamos os conteúdos de ensino, os métodos ativos aqui aplicados como ferramentas de auxílio à aprendizagem, possibilitaram ao longo de sua execução, o aparecimento de muitos entraves, ao mesmo tempo que fizeram emergir, depois de contornados todos esses percalços, um sentimento prazeroso de que é possível encurtar significativamente a distância entre o que se ensina e o que se aprende.

De início, tivemos dificuldade para obter alguns dos testes conceituais referentes ao assunto tratado durante as aulas. Em virtude disso, tivemos que elaborar alguns e validá-los. Devido à ausência de testes padronizados para determinados conteúdos e disciplinas muitos pesquisadores constroem seus próprios testes para a avaliação (MÜLLER *et al*, 2017).

As aulas expositivas no método *peer instruction* ganham um outro significado, pois as mesmas não contêm explicações aprofundadas, nem podem deixar explícitas as respostas dos testes conceituais. Isso exige do professor certo esmero na preparação dos testes e uma mudança de conduta durante a apresentação do tema.

Durante a execução das etapas de instrução aos pares, a condução por parte do professor deve ser feita com a devida atenção, a não observância do tempo destinado a cada pergunta e resposta ou de um resultado que exija, por exemplo, a discussão entre os alunos pode comprometer a avaliação do processo. Na sala de aula invertida a grande dificuldade consiste em sensibilizar os alunos para a execução das atividades antes da aula. No exemplo aqui relatado, a confecção do cladograma só se efetiva de forma eficiente e autônoma, por parte do aluno, se o mesmo cumpre suas responsabilidades em casa. No nosso caso tal sensibilização se deu via redes sociais e *e-mail* institucional.

A troca de respostas e o trabalho de equipe entre alunos se mostrou muito eficiente, pois possibilitou um aumento na quantidade de respostas corretas ao final de cada teste conceitual. A razão é compreensível: alunos convictos de sua resposta tem mais facilidade de argumentar e convencer os colegas que escolheram a resposta errada do que o contrário.

A constatação ao longo da aula pelo professor e aluno de que a aprendizagem não está sendo satisfatória e a possibilidade de reversão desse quadro antes de uma avaliação formativa também se configura como algo positivo, na medida em que possibilita, através da aplicação dos testes conceituais e discussão entre os pares, uma nova tomada de decisão pelo aluno, antes do acúmulo de conteúdo. Para Moraes *et al* (2016) o professor não precisa esperar a prova para descobrir o que os alunos não aprenderam, e os alunos não precisam ser afetados com uma nota ruim para perceberem que não aprenderam ou que seus estudos não estão bem focados.

Outro aspecto observado durante as discussões entre os alunos, quer seja na escolha da resposta dos testes conceituais ou durante a confecção do cladograma, foram os argumentos utilizados entre eles para auxiliar na compreensão dos demais. O que ficou evidente é que o vocabulário argumentativo utilizado entre eles, para convencer os colegas, se mostrou mais acessível e eficiente.

Dentre as vantagens dos métodos ativos aqui testados destacamos também a quebra inevitável da monotonia das aulas passivas. Na aula em que utilizamos a metodologia de sala invertida, isso ficou muito claro durante a confecção da matriz de caráter e do cladograma, como também, na exposição pelos alunos, daquilo que compreenderam. Outro benefício, talvez um dos mais importantes dessa metodologia, é a possibilidade de promover debates mais avançados em sala, uma vez que o conteúdo foi previamente estudado pelo aluno, proporcionando um nível de discussão mais elevado e um conhecimento mais abrangente a todos os envolvidos.

O foco dos alunos em conceitos que servem de fundamento para a compreensão do tema, como também a resolução de situações-problemas no decorrer da exposição, possibilitam maior agilidade ao longo da apresentação. Como consequência, precisamos de menos tempo para trabalhar todos os tópicos elencados no plano de aula. Isso permite que em alguns casos, possamos priorizar e aprofundar temas específicos.

Por último, a utilização de tecnologias digitais como elemento facilitador para a implantação e celeridade das metodologias surtiu um efeito positivo. A utilização de questionários via *Google* formulários e do aplicativo de resposta rápida (*plickers*) proporcionaram um maior dinamismo e agilidade, sem levar em conta a receptividade e empolgação percebida nos alunos durante a utilização dos *cards*.

5. CONCLUSÃO

A missão de educar é repleta de muitos desafios. Recursos didáticos escassos e ultrapassados, escolas sem uma mínima estrutura de funcionamento, desvalorização do magistério, são algumas das lamúrias relatadas por colegas professores que nos ajudam a entender o insucesso da educação brasileira.

Como se não bastasse, e talvez impulsionados por tudo isso, ainda nos deparamos com um alunado acomodado, displicente, sem perspectivas e bombardeados diariamente com informações, que embora não filtradas, na maioria das vezes, lhes parecem bem mais acessíveis e motivadoras.

Vivemos uma educação onde o acesso a informação é bem democrático. Por outro lado, isso exige dos adeptos da lousa e pincel uma busca constante por metodologias que ao menos atenuem essa concorrência desleal. Nessa corrida, só seremos capazes de ao menos competir se, dentre outras coisas, revermos a forma de como ainda apresentamos os conteúdos.

É nesse contexto, que o uso de metodologias ativas e tecnologias digitais podem dar um novo significado ao que trabalhamos em sala de aula. Entendendo o tema filogenia como importante para a compreensão da biodiversidade, ao fazer sua abordagem em aulas pontuais e específicas, o que percebemos é que a maioria dos docentes colaboradores, se utiliza de métodos tradicionais de ensino para o referido tema e acham que a maior dificuldade dos alunos está associada a compreensão de terminologia e conceitos.

Permitir que o aluno se veja como protagonista na construção do seu próprio conhecimento pode ser assustador, mas ao mesmo tempo, pode ser recompensante quando imprime no mesmo uma motivação e independência dificilmente alcançadas no modelo tradicional de ensino.

Ferramentas digitais como aplicativos de resposta rápida e técnicas de gamificação, quando associados a um método de ensino ativo, costumam dinamizar as aulas e promover uma maior interação entre os pares. Para os discentes, isso fomenta a motivação, gera interesse e dá significado ao que está sendo ensinado.

Na visão de quem aplicou e vivenciou uma nova metodologia em sala de aula, as dificuldades insistem em transcender nossas próprias limitações. Na metodologia *peer instruction*, em virtude de sua pouca utilização em áreas fora da física, tivemos dificuldade, por

exemplo, em achar testes conceituais padronizados, e por conta disso, tivemos em alguns tópicos, que montá-los e validá-los.

Desenvolver uma aula dialogada seguindo os moldes de instrução aos pares, onde não se pode detalhar o tema, também foi algo que demandou uma certa adaptação. A delimitação do tempo destinado a cada etapa do processo permitiu que, dentre outras coisas, fizéssemos uma melhor utilização do mesmo. Mas nada disso diminui a recompensa; a atenção dada pelos alunos em cada momento, o *feedback* motivacional e a integração, a participação durante as aulas e acima de tudo, um maior rendimento educacional é por demais gratificante.

Portanto, a ênfase dada nesse trabalho ao papel do professor, como agente potencialmente transformador, não deve ser encarada como mais um fardo ou obrigação, mas sim, como uma alternativa viável de superação e mudança desse quadro tão desalentador que nos encontramos.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AMABIS, José Mariano; MARTHO, Gilberto Rodrigues. Sistemática e Classificação Biológica. In: AMABIS, José Mariano; MARTHO, Gilberto Rodrigues. **Biologia em Contexto**. [S. l.]: Moderna, 2016.

AMORIM, D. S.; MONTAGNINI, D. L.; CORREA, R. J.; CASTILHO, M. S. M.; NOLL, F. B. **Diversidade biológica e evolução: uma nova concepção para o ensino de Zoologia e Botânica no segundo grau**. In: BARBIERI, M. R.; SICCA, N. A. L.; CARVALHO, C. P. **A construção do conhecimento do professor**. Ribeirão Preto: Holos/FAPESP, 2001. p. 41-49.

ARAUJO, A. V. R. de; SILVA, E. S.; JESUS, V. L. B. de and OLIVEIRA, A. L. de. **Uma associação do método *Peer Instruction* com circuitos elétricos em contextos de aprendizagem ativa**. *Rev. Bras. Ensino Fís.* [On-line]. 2017, vol.39, n.2, e2401. Epub Nov 07, 2016. ISSN 1806-1117. <http://dx.doi.org/10.1590/1806-9126-rbef-2016-0184>.

BACICH, L.; MORAN, J. (Org.). **Metodologias ativas para uma educação inovadora: uma abordagem teórico-prática**. Porto Alegre: Penso, 2018.

BACICH, L.; TANZI NETO, A.; TREVISANI, F. M. (Org.). **Ensino híbrido: personalização e tecnologia na educação**. Porto Alegre: Penso, 2015.

BAPTESTE, E.; IERSEL, L. V.; JANKE, A.; KELCHNER, S.; KELK, S.; MCLNERNEY, J. O.; MORRISON, D. A.; NAKHLEH, L.; STEEL, M.; STOUGIE, L.; WHITFIELD, J. **Networks: expanding evolutionary thinking**. Trends in Genetics, 2013.

BARROS, J. Acacio De; REMOLD, Julie; SILVA, Glauco S.f. Da; *et al.* **Engajamento interativo no curso de Física I da UFJF**. Revista Brasileira de Ensino de Física, vol. 26, no. 1, p. 63–69, 2004.

CALOR, ADOLFO & SANTOS, CHARLES. **Ensino de biologia evolutiva utilizando a estrutura conceitual da sistemática filogenética – i**. Ciência & Ensino. 1. 1-8. (2007).

CALOR, C. M. D. S. A. R. **Ensino de biologia evolutiva utilizando a estrutura conceitual da sistemática filogenética – I. Artigo**, v. 52, n. 3, p. 1364–1371, 2017.

CATANI, André. Sistemática e Classificação. In: CATANI, André. **Ser Protagonista**. [S. l.]: Sm, 2016.

COUTINHO, C.; BARTHOLOMEI-SANTOS, M. L. **Estimulando o “pensamento em árvore” em alunos de ensino médio: potencial de contribuição dos livros didáticos de biologia.** *Ciência e Natura*, v. 36, n. 3, p. 326–336, 2014.

DIAS, M. **Os dinossauros de Hennig : sobre a importância do monofiletismo para a sistemática biológica.** p. 179–200, 2008.

DINIZ, A. C. Alan corrêa diniz. **Implementação do método peer instruction em aulas de física no ensino médio.** 2015.

HAKE, Richard R. **Interactive-engagement versus traditional methods: A six-thousand-student survey of mechanics test data for introductory physics courses.** *American Journal of Physics*, vol. 66, p. 64–74, 1998.

HENRIQUE, P.; SOUZA, R. DE. **Sistemática Filogenética e Divulgação Científica : análise da Revista Scientific American Brasil Phylogenetic Systematics and Popular Science : analysis of Scientific American Brasil magazine.** p. 1–8, 2013.

KRASILCHIK, M. **Prática de Ensino em Biologia** (4° ed.). São Paulo: Editora da Universidade de São Paulo. 2011.

LOPES, Sônia; FUNGYI, Fanly. **Noções de Sistemática Filogenética.** *Diversidade Biológica e Filogenia*, USP, [201-?]. Disponível em: https://midia.atp.usp.br/impressos/lic/modulo03/diversidade_biologica_filogenia_PLC0019/Bio_Filogenia_top04.pdf. Acesso em: 22 fev. 2019.

LOPES, Welinton Ribamar. **Ensino de Filogenia Animal: Percepções de Estudantes e Professores e Análise de Propostas metodológicas**, UFPE, Recife, 2008. - Dissertação de mestrado.

LOPES, W. R.; FERREIRA, M. J. DE M.; STEVAUX, M. N. **Proposta pedagógica para o ensino médio: filogenia de animais.** *Revista Solta a Voz*, v. 18, n. 2, p. 263–286, 2007.

LOUREIRO, Carla Cristiane; GRIMM, Viviane and MENDES, Geovana Mendonça Lunardi. **“Imigrantes” Versus “Nativos” Digitais: O Discurso De Tecnologias Digitais Em Políticas Curriculares.** *Roteiro*, vol. 41, Nº. 3, p. 725, 2016.

MAZUR, E. **Peer instruction: A revolução da aprendizagem ativa**/ tradução; Anatólio Laschuk, Porto Alegre: Ed. Penso. 2015. Não paginado

MORAES, Luiza Dumont De Miranda; CARVALHO, Regina Simplício and NEVES, Álvaro José Magalhães. **O Peer Instruction Como Proposta De Metodologia Ativa No Ensino De Química**. Journal of Chemical Engineering and Chemistry, vol. 2, no. 3, p. 107–131, 2016.

MOREIRA, M. A. **O que é aprendizagem significativa?** Revista Chilena de Educación Científica, v. 7, p. 1–27, 2008.

MOREIRA, M. A. **Aprendizagem significativa: a teoria e textos complementares**. Marco Antonio Moreira. São Paulo: Editora Livraria da Física, 2011.

MÜLLER, Maykon Gonçalves; ARAUJO, Ives Solano; VEIT, Eliane Angela; *et al.* **Uma revisão da literatura acerca da implementação da metodologia interativa de ensino Peer Instruction (1991 a 2015)**. Revista Brasileira de Ensino de Física, vol. 39, no. 3, 2017.

OLIVEIRA, J. CARLOS. **Fundamentos de sistemática filogenética para professores de ciências e biologia**. 2010.

SANTOS, CHARLES & KLASSA, BRUNA. **Despersonalizando o ensino de evolução: ênfase nos conceitos através da sistemática filogenética**. Educação: Teoria e Prática. Vol. 22. (2012).

SCHECHTER, Luis Menasché and MENDONÇA, Luziane F. De. **Uma Aplicação da Metodologia de “Sala de Aula Invertida” no Bacharelado em Ciência da Computação da UFRJ**. 2017.

SOUSA, RP., MIOTA, FMCSC., and CARVALHO, ABG., orgs. **Tecnologias digitais na educação** [on-line]. Campina Grande; EDUEPB, 2011. p. 276 ISBN 978-857879-127-7.

TISEO, G.; CAVARZERE, V. **Escolas Sistemáticas e Sistemática Filogenética**. [s.l: s.n.].

APÊNDICE

APÊNDICE A

ENQUETE SOBRE AS DIFICULDADES ENFRENTADAS NO ENSINO DE FILOGENIA

SABENDO UM POUCO DE VOCÊ

1. Qual a sua formação acadêmica?

- ☐ Licenciatura em Ciências Biológicas
- ☐ Bacharelado em Ciências Biológicas
- ☐ Outra:

2. Quanto as suas condições de trabalho?

- ☐ Substituto
- ☐ Efetivo
- ☐ Outra:

3. Qual o seu regime de trabalho no IFRN?

- ☐ 20 horas
- ☐ 40 horas
- ☐ Dedicação Exclusiva

4. Qual(is) a(s) modalidade(s) de ensino que leciona no IFRN?

- ☐ Integrado ☐ Subsequente ☐ EJA ☐ Superior ☐ FIC ☐ Outra

QUANTO AO ENSINO DE FILOGENIA

5. Se você leciona no ensino médio, em que série(s) aborda o tema FILOGENIA?

- ☐ 1º ano
- ☐ 2º ano
- ☐ 3º ano
- ☐ 4º ano
- ☐ Abordo em outra modalidade de ensino
- ☐ Não abordo

6. Você insere uma abordagem filogenética no ensino da biodiversidade?

- ☐ Sim
- ☐ não

7. Em qual(is) conteúdo(s) abaixo você aborda o tema filogenia?

- ☐ Classificação geral dos seres vivos.
- ☐ Zoologia
- ☐ Botânica
- ☐ Evolução
- ☐ Microbiologia
- ☐ Outros

8. Como você aborda o conteúdo FILOGENIA?

- ☐ Em aulas pontuais e específicas sobre o tema.
- ☐ De forma contínua no decorrer das aulas sobre os grupos de seres vivos.
- ☐ Outra.

9. No ensino de filogenia que assuntos aborda?

Irrelevante 1 2 3 4 Muito Importante

10. Como você classifica o nível de importância do assunto FILOGENIA para a compreensão da biodiversidade?

Irrelevante 1 2 3 4 Muito Importante

11. Que recursos didáticos utiliza para abordar o assunto filogenia?

- () Livro didático
- () Aula dialogada
- () Estudo dirigido
- () Data-show
- () Vídeo
- () Gamificação
- () Metodologia ativa
- () Aplicativo celular
- () Outro

12. Na sua opinião, quais as dificuldades enfrentadas pelo alunos durante a abordagem do tema filogenia?

- () Compreensão da terminologia e conceitos.
- () Concepções alternativas criadas pelos mesmos para a explicação de fenômenos e/ou processos biológicos.
- () Falta de motivação ocasionada pela densidade e detalhamento do tema em questão.
- () Reconhecer o parentesco evolutivo entre os grupos.

QUANTO A ATRATIVIDADE DOS ALUNOS EM RELAÇÃO AO TEMA

13. Como você classifica o nível de atratividade ou de interesse dos alunos pelo tema FILOGENIA?

- () Indiferente
- () Pouco atrativo
- () Razoável
- () Muito atrativo

14. Você já fez uso de metodologias ativas e/ou tecnologia digitais no ensino de filogenia?

- () Sim
- () Não

15. Poderia citar ou descrever sucintamente, qual a metodologia ou ferramenta digital utilizada?

APÊNDICE B

METODOLOGIAS ATIVAS

QUESTIONÁRIO REFERENTE AO USO DE METODOLOGIAS ATIVAS NO ENSINO DE SISTEMÁTICA FILOGENÉTICA.

1. Como você avalia as metodologias utilizadas durante as ações desenvolvidas no ensino de filogenia?

() ruim () regular () boa () ótima

2. Você acha que essa estratégia de estudo lhe auxiliou no processo de ensino-aprendizagem?

() sim () não () parcialmente

LEIA O ENUNCIADO DAS QUESTÕES A SEGUIR COMO AFIRMAÇÕES, MARQUE A ALTERNATIVA DE ACORDO COM O SEU GRAU DE CONCORDÂNCIA COM ELAS.

3. Depois do uso dessa metodologia e/ou tecnologia digital sinto que consigo aplicar melhor os temas relacionados ao assunto filogenia.

() concordo fortemente () concordo () indeciso () discordo () discordo fortemente

4. Fiquei torcendo para a aula acabar logo.

() concordo fortemente () concordo () indeciso () discordo () discordo fortemente

5. A metodologia Peer instruction promoveu maior integração entre os alunos na sala.

() concordo fortemente () concordo () indeciso () discordo () discordo fortemente

6. Os colegas da sala, durante a resolução dos testes conceituais, me ajudaram a ter certeza na escolha da resposta correta.

() concordo fortemente () concordo () indeciso () discordo () discordo fortemente

7. Tive dificuldade em interpretar algumas questões apresentadas pelo professor durante a aula, mas consegui chegar a resposta correta depois de discutir com os colegas.

() concordo fortemente () concordo () indeciso () discordo () discordo fortemente

8. Em sua opinião quais as contribuições que a utilização da metodologia e /ou recurso digital na aula proporcionou para a sua aprendizagem?

APÊNDICE C

TESTE DE LEITURA

O referido teste objetiva averiguar se a leitura foi feita preliminarmente ou não, o mesmo não avalia a compreensão do conteúdo.

BLOCO 1 - QUESTÕES REFERENTES AO LIVRO TEXTO

1. O tópico "Sistemática Moderna" enfatiza a importância do estudo da diversidade biológica?

() Sim

() Não

() Apenas na introdução do tópico

2. No tópico "Homologias Evolutivas", as imagens usadas para exemplificar o referido conceito são do tipo:

() Membros como nadadeiras e asas

() Tipos de desenvolvimento embrionário

() Organização celular

() Cladogramas

3. Não são termos associados diretamente ao tema Filogenia, pois não aparecem nesse tópico de leitura:

() Clado, sinapomorfia, taxon

() Cladograma, árvore filogenética, homologia

() Cladogênese, cladística, sistemática

() Animalia, nomenclatura Binomial, cladograma

BLOCO 2 - QUESTÕES REFERENTES AO TEXTO SISTEMÁTICA MODERNA

4. No tópico intitulado "Ferramentas da ciência" uma das preocupações evidenciadas é:

- () Mostrar alguns equívocos na interpretação de cladogramas
- () Mostrar a árvore filogenética dos animais cordados
- () Colocar em evidência as ideias de Lamarck e Darwin

5. Das alternativas abaixo, para entender as relações expressas em uma árvore filogenética, qual a observação menos importante?

- () Onde está cada nó
- () Quem são os ramos que saem de cada nó
- () O nome científico dos táxons em questão

BLOCO 3 - QUESTÕES REFERENTES AO TEXTO NOÇÕES BÁSICAS DE SISTEMÁTICA FILOGENÉTICA

6. Segundo o referido texto existem quantas escolas de classificação biológica, baseadas em princípios evolutivos?

- () Uma
- () Duas
- () Três
- () Várias
- () Outra

7. Com base no texto, na sistemática filogenética os caracteres de interesse são:

- () Genéticos
- () Apomórficos
- () Estruturais

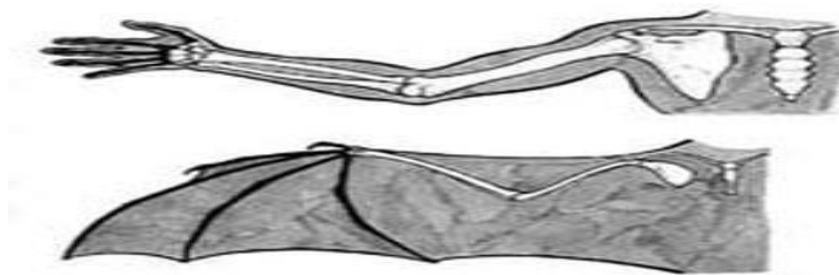
APÊNDICE D

TESTE DE EFICÁCIA DO ENSINO

01. Leia o texto abaixo

Em evolução, os caracteres são considerados **Homólogos** quando, duas ou mais estruturas de organismos diferentes derivam da mesma estrutura ancestral. Um bom exemplo disso é a comparação entre o membro anterior de um humano e a asa do morcego. Nós, humanos, assim como os morcegos, somos mamíferos, logo temos uma ancestralidade em comum. A asa do morcego e os nossos membros anteriores são a mesma estrutura, porém com funções diferentes. A asa do morcego é um braço modificado, com os dedos alongados e membranas interdigitais extensas que permitem o voo. Logo o braço humano e a asa de um morcego são considerados estruturas homólogas. Veja na figura abaixo:

Texto disponível no endereço: <https://escolaeducacao.com.br/homologia-e-analogia/>



A mão do homem e a asa do morcego derivam da mesma estrutura, mas tem funções diferentes.
Fonte: Ciência Hoje

Com base no texto podemos afirmar:

- a) Quanto maior o número de homologias entre duas espécies, mais evolutivamente próximas elas são.
- b) Quanto maior o número de homologias entre duas espécies, menos evolutivamente próximas elas são.
- c) A presença de estruturas semelhantes em espécies distintas significa necessariamente ancestralidade comum.
- d) Características parecidas podem evoluir de maneira independente em diferentes linhagens de seres vivos, constituindo adaptações a modos de vida diferentes.

02. A irradiação adaptativa é um processo evolutivo que ocorre quando um grupo ancestral coloniza diferentes ambientes e pode originar outras espécies. Ao colonizar novos ambientes,

cada grupo fica submetido a diferentes condições ambientais. Assim, possibilita o surgimento de uma grande variedade de formas de vida. A seleção natural permite a sobrevivência dos mais adaptados. O isolamento geográfico entre os grupos ancestrais permite a especiação, o processo de formação de novas espécies.

Em resumo, a irradiação adaptativa corresponde ao surgimento de espécies, em diferentes ambientes, a partir de um ancestral comum.

Texto retirado do endereço: <https://www.todamateria.com.br/irradiacao-adaptativa/>

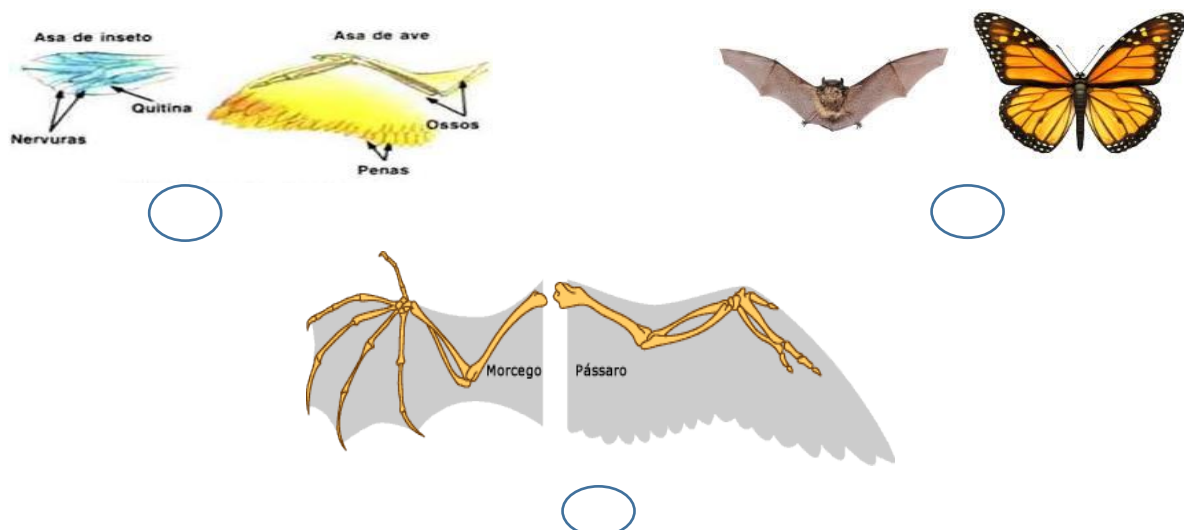
Em qual dessas situações o conceito de **Irradiação Adaptativa** se aplica.

- a) Mamíferos vivendo na água, no ambiente terrestre e no ar.
- b) Répteis vivendo no ambiente aquático.
- c) Peixes ósseos vivendo em ambiente dulcícola.
- d) Aves de rapina nas grandes montanhas

03. Ao contrário da homologia, para os caracteres serem considerados **Análogos**, eles devem ter a mesma função nos organismos em que se esteja comparando, no entanto a origem do caractere independe de ancestralidade comum ou qualquer outro fator.

Morcegos, assim como libélulas, voam. Usam como principal meio de locomoção suas asas, no entanto as asas de um morcego e de uma libélula têm origens evolutivas completamente diferentes. Logo são caracteres análogos.

Texto disponível no endereço: <https://escolaeducacao.com.br/homologia-e-analogia/>

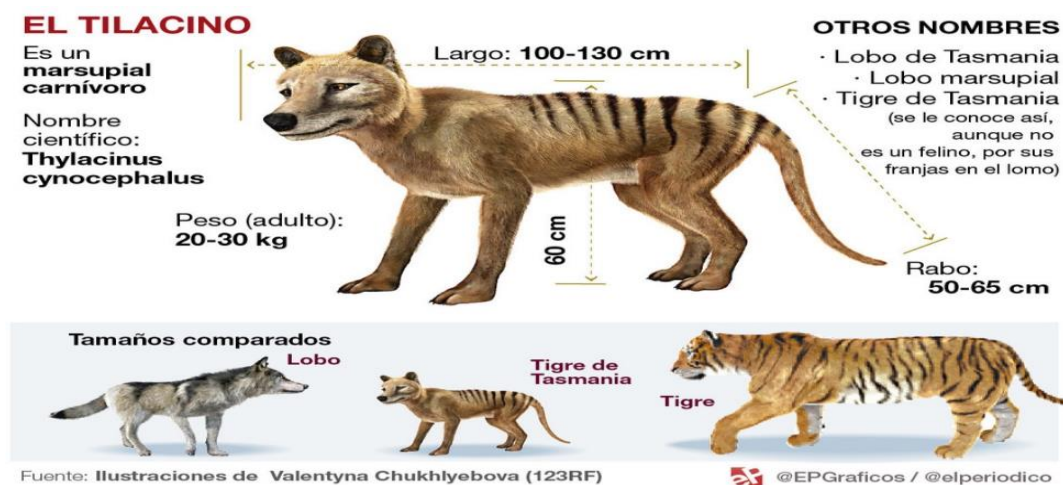


Agora responda, qual das imagens abaixo, **NÃO** serviria para ilustrar um exemplo de analogia:

Imagem 1: <https://escolaeducacao.com.br/homologia-e-analogia/>
Imagem2 e 3: <https://www.sobiologia.com.br/conteudos/Seresvivos/Ciencias/bioevolucao.php>

04. O *Thylacinus cynocephalus* ou Lobo da Tasmânia, acredita-se que foi extinto na década de 1930. Com características visualmente de um canídeo, ele não faz parte da família dos cães e lobos, é um parente na verdade dos cangurus, sendo da infraclasse dos marsupiais. Sendo um marsupial carnívoro e tendo dentes afiados e mandíbulas poderosas, esse animal, quando comparado a um cão ou lobo, se constitui um exemplo de:

Fonte: Extraído de <https://www.elperiodico.com/es/medio-ambiente/20170402/tigre-de-tasmania-avistamientos-australia-5942680>



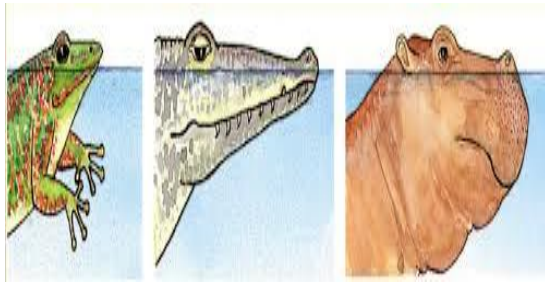
- a) Homologia adaptativa
- b) Parentesco evolutivo

- c) Pertencentes ao mesmo táxon
- d) Convergência evolutiva

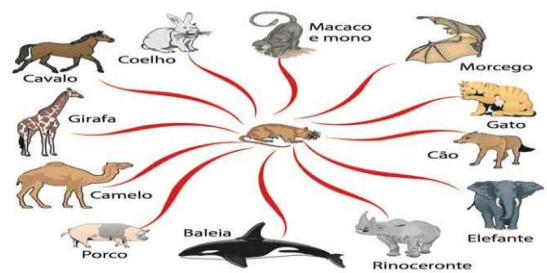
05. Considere a seguinte afirmação:

“Semelhanças entre estruturas de diferentes organismos, devida unicamente à adaptação a uma mesma função ou modo de vida, podem ser explicadas por **Evolução Convergente**.”

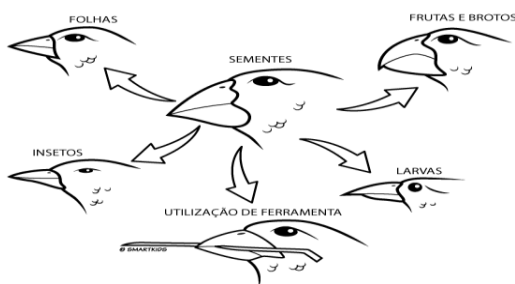
Amparado nessa afirmação, pode ser considerado um exemplo de evolução convergente a figura:



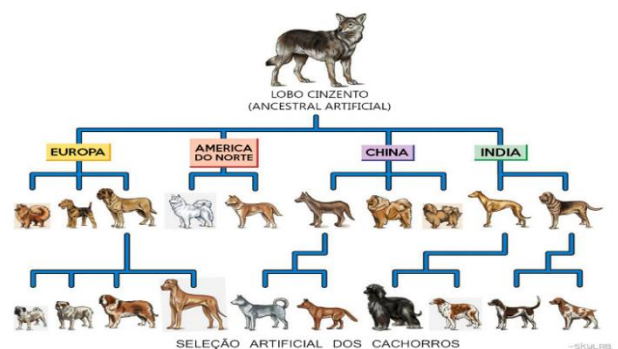
A



B



C



D

Fonte: <http://atricolinabiologa.blogspot.com/2016/07/evolucao.html>

Leia o texto abaixo e responda as questões 6, 7 e 8:

As **relações evolutivas** entre as espécies do nosso planeta sempre foram motivo de muita curiosidade entre os cientistas. Saber qual o **grau de parentesco**, de onde e quais ancestrais se originaram, qual a nossa real posição na cadeia evolutiva dos seres vivos é fundamental para entendermos a **história da formação de nossa biodiversidade**. E é nesse contexto que surgiu a **filogenia** (do grego *Filon*=raça ou tribo + *genético*=em relação ao nascimento), ou seja, basicamente estudar quais são os seus “parentes” dentro da história evolutiva. E para deixar essa explicação mais didática, o cladograma foi utilizado. Podemos agrupar os táxons em classificações generalistas e aqui vamos falar de três delas: os grupos **monofiléticos**, **parafiléticos** e **polifiléticos**.

Fonte 1 : <https://escolaeducacao.com.br/cladograma/>

Fonte 2: <https://biologiacrns.files.wordpress.com/2013/03/exercc3adcios-filogenia-geral-e-animal-2c2ba-colegial.pdf>

- Os grupos **Monofiléticos**, são agrupamentos que levam em consideração uma espécie ancestral e todos os descendentes originários da mesma.
- Os grupos **Parafiléticos** incluem um ancestral comum e alguns, mas não todos os seus descendentes,
- Os grupos **Polifiléticos** não incluem o ancestral comum de todos os indivíduos. Em outras palavras, é a reunião de dois ou mais grupos monofiléticos.

06. Observe os cladogramas ao lado e assinale a afirmativa **Correta**.

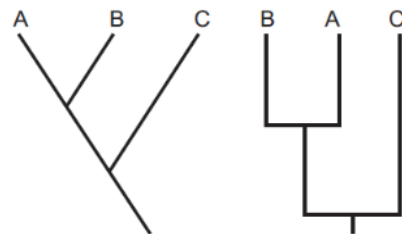
Considere A, B e C como sendo três espécies distintas.

a) Os dois cladogramas mostram relações evolutivas distintas.

b) A, B e C formam um grupo monofilético.

c) A, B e C não compartilham um ancestral comum.

d) A, B e C formam um grupo polifilético.



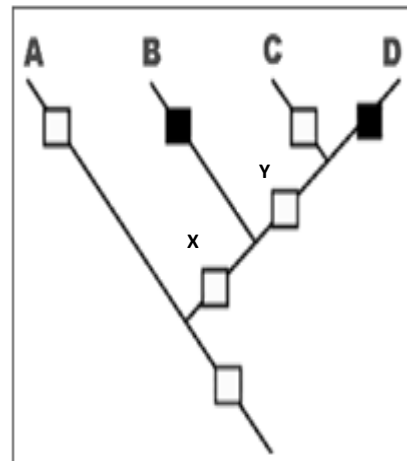
07. Observe o cladograma ao lado e analise as afirmativas abaixo:

I - Os táxons **B**, **C** e **D** formam um grupo Polifilético

II - O agrupamento formado pelos táxons **C** e **D** é grupo irmão do táxon **B**.

III - O caráter **Y** é um caráter derivado de **C** e **D**.

IV - **B** e **C** formam um grupo parafilético.



Assinale a alternativa:

- a) Se todas estiverem corretas.
- b) Se II e III estiverem corretas.
- c) Se I e III estiverem corretas.
- d) Se II e IV estiverem corretas.

08. Um táxon é classificado como parafilético quando

inclui alguns, mas não todos, descendentes de um ancestral comum. Um táxon polifilético contém membros com mais de um ancestral, e um táxon monofilético inclui todos os descendentes de um único ancestral comum. **Observe o diagrama ao lado:**

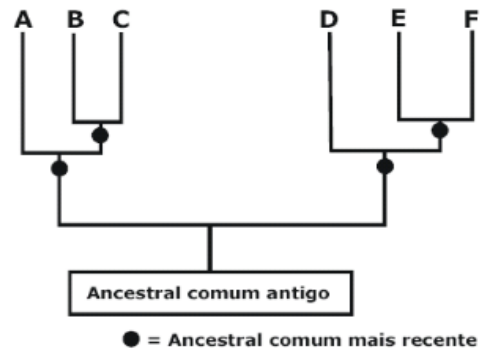
I - O conjunto **DEF** é um exemplo de grupo monofilético.

II - O conjunto **BCD** é um exemplo de grupo Parafilético.

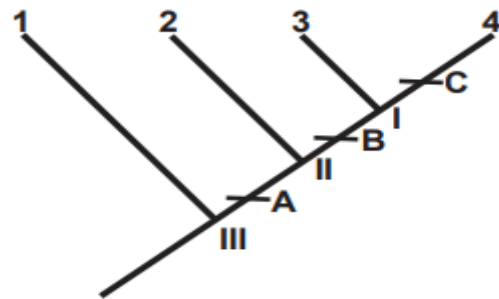
III - O Conjunto **AB** é um exemplo de grupo polifilético.

Assinale o item:

- a) Se todas estiverem corretas.
- b) Se todas estiverem erradas.
- c) Se apenas I estiver correta.
- d) Se II e III estiverem corretas.

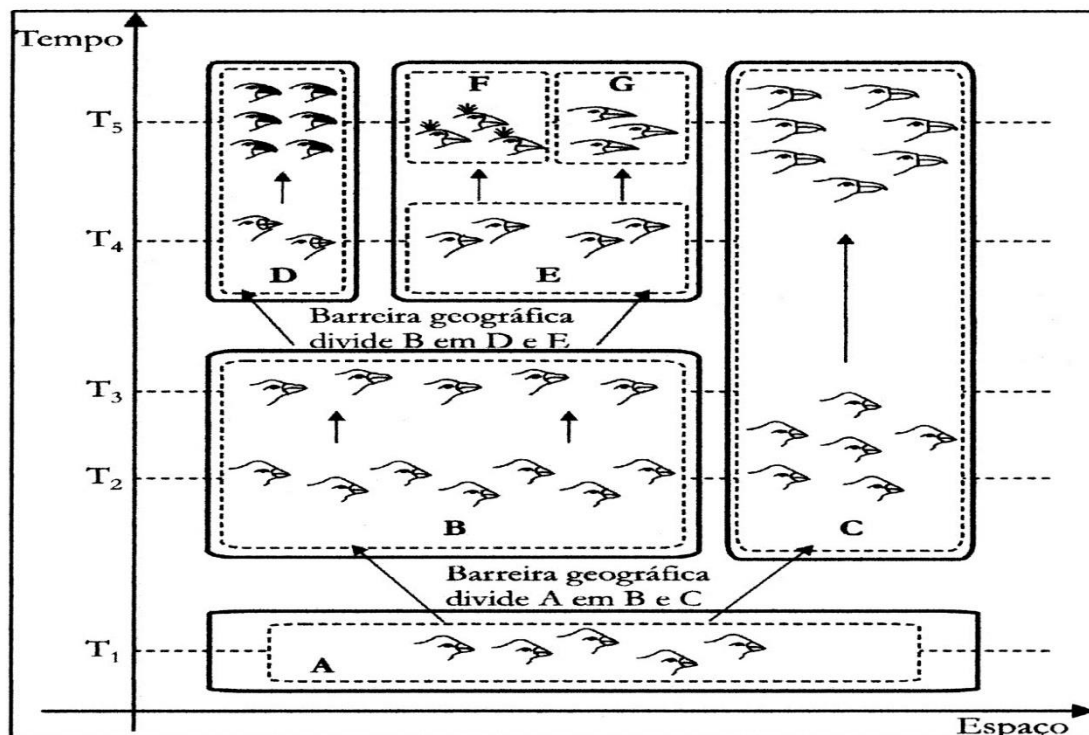


09. Na árvore ao lado, estão mapeadas as mudanças de estado de caracteres (de primitivo para derivado) para algumas características dos organismos **1, 2, 3 e 4**. Os números romanos são os ancestrais comuns e as letras **A, B e C**, correspondem às novidades evolutivas (estados de caracteres derivados) de três diferentes características. Entre as alternativas apresentadas a seguir, marque a única que utiliza os conceitos da filogenética numa correta interpretação da árvore encontrada.



- a) O agrupamento formado pelos táxons 3 e 4 é grupo irmão do táxon 2.
- b) O táxon 1 é primitivo, pois apresenta os estados primitivos dos diferentes caracteres.
- c) O táxon 2 é grupo irmão de 1, pois, apresentam o nó III como ancestral comum.
- d) O táxon 3 é grupo irmão de 4 e o táxon 1 é o ancestral comum de todos.

10. Observe a figura abaixo, que representa o processo de evolução de um grupo de pássaros. Cada retângulo com linha contínua representa uma área geográfica e cada retângulo tracejado representa uma espécie (identificada na figura pelas letras A, B, C, D, E, F ou G). A figura é inspirada na hipótese de relações filogenéticas de um grupo de aves do arquipélago de Galápagos, documentada por Charles Darwin. Fonte: Prova de qualificação para o mestrado ProFbio/2017.



Assinale a afirmativa **Incorreta**:

- As irradiações adaptativas, podem ser compreendidas, segundo o princípio de divergência, proposto por Darwin, em que as formas mais semelhantes, competirão mais intensamente do que as formas mais diferentes, tendendo a se distanciar, durante o processo evolutivo.
- A irradiação adaptativa, pode ser vista, como um processo de especiação, ou seja, as espécies passam por processos ao longo do tempo, fazendo com que elas evoluam, criem novas adaptações, para poderem tirar o máximo de proveito do meio.
- Em alguns casos, pode ocorrer a evolução de uma característica, às vezes chamada de "inovação-chave", que permite a linhagem interagir com o ambiente em novas formas evolutivas, assim permitindo que as populações possam tirar proveito das novas oportunidades ecológicas.
- A irradiação adaptativa resulta em analogia, pois passamos a ter táxons de espécies diferentes com a mesma característica adaptativa.

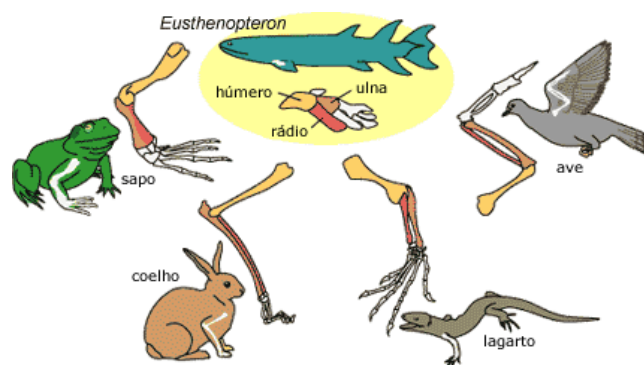
APÊNDICE E

TESTES CONCEITUAIS

TC1 - Em meados do século XIX, uma nova teoria revolucionou a Biologia e teve impacto direto sobre a classificação biológica: a teoria evolucionista de Charles Darwin. Com base nessa teoria, o que dizer sobre as espécies e sua classificação biológica: (Texto do autor)

- a) Seu número é fixo e foi determinado por Deus no momento da criação.
- b) O habitat dos organismos deveria ser o critério principal de classificação biológica.
- c) Todos os seres vivos atuais descendem dos primeiros seres que surgiram na Terra a bilhões de anos atrás.
- d) Espécies que se diversificaram mais recentemente de uma espécie ancestral tendem a ter menos semelhanças entre si.

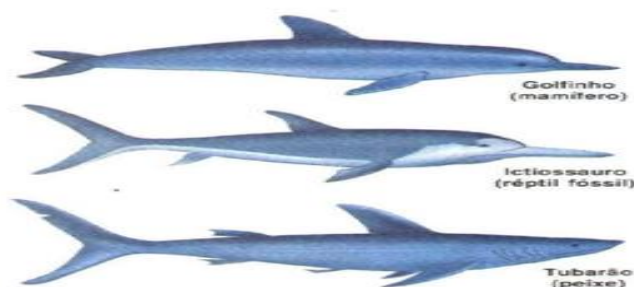
TC2 - Observe a figura abaixo, nela estão representados alguns animais do filo Chordata. O que a mesma sugere? (Texto do Autor)



Fonte: <http://www.ib.usp.br/evosite/lines/Illhomologies.shtml>

- A) Hierarquia funcional por conta do tamanho dos membros anteriores.
- B) Adaptação ao mesmo tipo de habitat.
- C) Parentesco evolutivo entre os seres.
- D) Maior semelhança evolutiva entre o sapo e o lagarto do que entre o coelho e a ave.

TC3 - O que a imagem sugere: (Texto do autor)

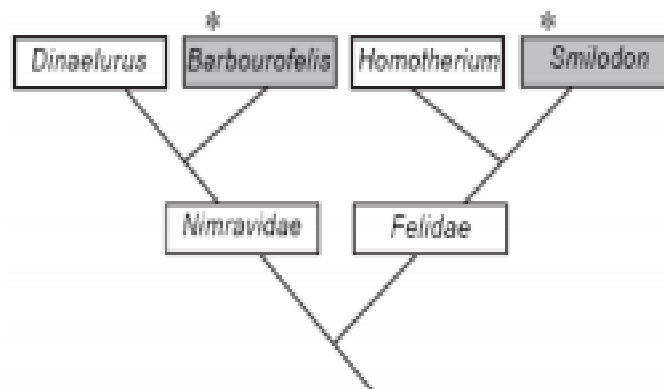


<https://www.colegioweb.com.br/origem-da-vida-e-evolucao/irradiacao-adaptativa-e-convergencia-evolutiva.html>

- A) Adaptação a ambientes diferentes.
- B) Adaptação ao mesmo tipo de alimento.
- C) Mesma origem embrionária e estruturas adaptadas a mesma função.
- D) Origem embrionária diferente e estruturas adaptadas a mesma função.

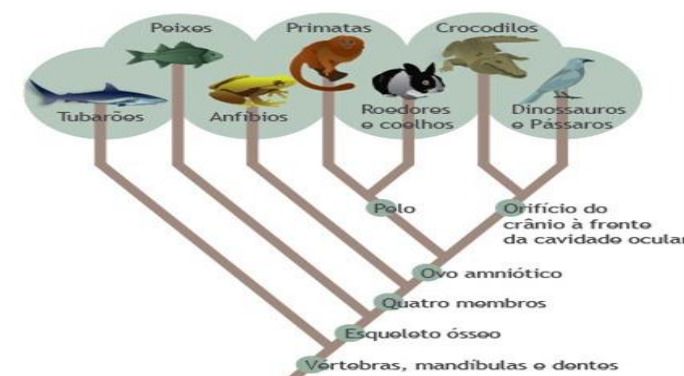
TC4 - Os tigres de dentes-de-sabre são mamíferos extintos. Esses animais possuíam caninos superiores muito desenvolvidos, em forma de sabre. Um fato menos conhecido é que houve várias espécies de mamíferos placentários com dentes-de-sabre. O diagrama a seguir mostra a filogenia provável dos tigres de dentes-de-sabre placentários *Barbourofelis* e *Smilodon*. apenas os retângulos sombreados representam tigres de dentes-de-sabre. A presença da característica dentes-de-sabre em *Barbourofelis* e *Smilodon* representa um caso de: homologia ou de analogia?

Fonte: <https://exerciciosweb.com.br/ecologia/radiacao-adaptativa-e-convergencia-evolutiva-02/>



- a) Irradiação adaptativa
- b) Isolamento geográfico
- c) Especiação
- d) Convergência adaptativa

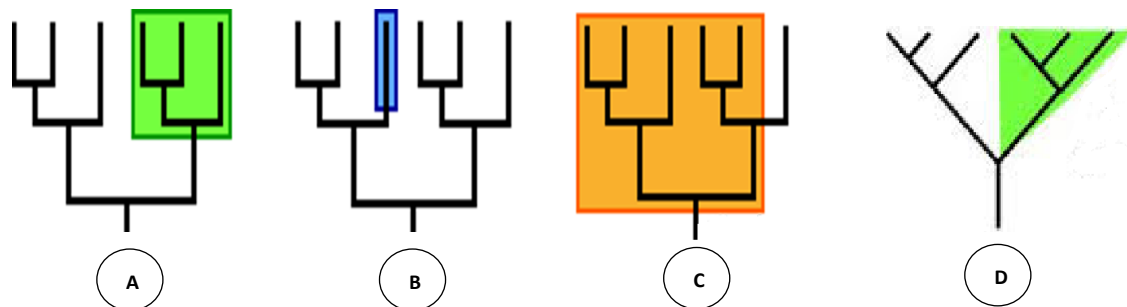
TC5 - Com base no cladograma abaixo, assinale a alternativa Correta. (Texto do autor)



Fonte: <https://brainly.com.br/tarefa/8951401>

- a) Roedores e primatas apresentam “pelo” como carácter plesiomórfico no grupo vertebrado.
- b) Orifício do crânio à frente da cavidade ocular constitui uma plesiomorfia para pássaros e dinossauros apenas.
- c) Quatro membros é um carácter simplesiomórfico para anfíbios, mamíferos, aves e répteis.
- d) Quatro membros é um carácter apomórfico para os vertebrados.

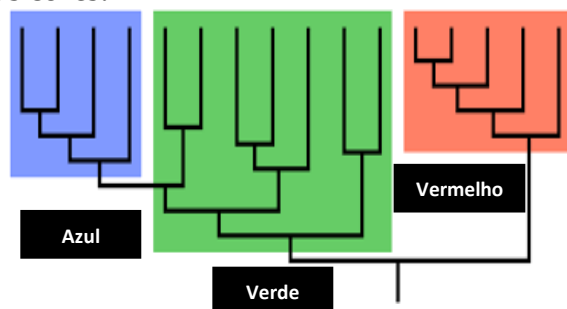
TC6 - Qual dos cladogramas abaixo NÃO representa um grupo Monofilético? (Texto do autor)



Fonte: <http://uenf.br/posgraduacao/gmp/wp-content/uploads/sites/6/2013/05/EPC-6-20151.pdf>

TC7 - As áreas destacadas no cladograma abaixo podem representar grupos ou clados. Com base nas definições de grupos monofiléticos e merofiléticos, podemos dizer que os grupos Monofiléticos estão representados pelas cores:

- A) Azul e vermelho.
- B) Azul e verde.
- C) Verde e vermelho.
- D) Azul, verde e vermelho.



Fonte: <http://uenf.br/posgraduacao/gmp/wp-content/uploads/sites/6/2013/05/EPC-6-20151.pdf>

Produções Didático-Pedagógicas

Sequência Didática

**PROPOSTA DE SEQUÊNCIA DIDÁTICA PARA O
ENSINO DE FILOGENIA ANIMAL UTILIZANDO
METODOLOGIAS ATIVAS E TECNOLOGIAS DIGITAIS.**



PROFBIO
Mestrado Profissional
em Ensino de Biologia

FICHA PARA IDENTIFICAÇÃO

TÍTULO: PROPOSTA DE SEQUÊNCIA DIDÁTICA PARA O ENSINO DE FILOGENIA ANIMAL UTILIZANDO METODOLOGIAS ATIVAS E TECNOLOGIAS DIGITAIS.	
Autor	Clérison Márcio Vieira
Disciplina/Área	Biologia / Ciências da Natureza
Professor Orientador	Kleberon de Oliveira Porpino
Professor Co orientador	
Instituição de Ensino Superior	UERN
Relação Interdisciplinar	
Resumo	Na biologia e em especial no ensino de filogenia, as dificuldades não ficam apenas no plano metodológico; falta de integração entre o estudo de filogenia e evolução, concepções alternativas e crenças religiosas sendo utilizadas para explicação de processos biológicos, ênfase na mera semelhança morfológica superficial entre táxons, em detrimento do parentesco evolutivo e desconhecimento de uma terminologia própria estão entre algumas das dificuldades para compreensão da biodiversidade. A partir de um questionário semiestruturado desenvolvido junto aos professores de biologia do IFRN, analisamos as dificuldades encontradas pelos mesmos no ensino de filogenia animal e desenvolvemos uma sequência didática, baseada em metodologias ativas e tecnologias digitais, que possibilita ressignificar o ensino do referido tema, na medida que estimula a autonomia do educando e o coloca como protagonista na aquisição do conhecimento. Uma melhor utilização do tempo de aula, uma maior interação entre os participantes, o dinamismo provocado pela utilização de vários recursos didáticos simultaneamente e o foco dos alunos em conceitos fundamentais para a compreensão do tema estudado, são algumas das vantagens observadas durante a execução da sequência. Baseado no ganho normalizado “ganho de hake” a metodologia se mostrou eficiente principalmente para alunos com baixo rendimento, sendo tal eficiência justificada pelo debate e argumentação que a <i>Peer Instruction</i> e <i>Inverted classroom</i> provocam durante as aulas.
Palavras-chave	Filogenia, Métodos ativos, Peer instruction, Sala de aula invertida, Plickers.
Formato do Material Didático	Sequência Didática
Público Alvo	Alunos do Ensino Médio

Introdução:

Esta sequência didática tem o intuito de facilitar a apresentação do tema filogenia animal de forma mais dinâmica, na medida que estimula a autonomia do educando e o coloca como protagonista na aquisição do conhecimento. A referida sequência é uma proposta de trabalhar o tema em questão utilizando a combinação de métodos ativos de ensino e tecnologias digitais. A sequência é dividida em duas etapas, sendo em cada etapa aplicado um método ativo de ensino. A partir de atividades teóricas e práticas, seguindo uma linha investigativa, são abordados conceitos fundamentais em filogenia, como também, processos e mecanismos biológicos que ajudam, sempre numa perspectiva evolutiva, a entender melhor as relações de parentesco entre os seres, como também as razões para tanta diversidade.

Objetivo:

Geral:

Compreender a diversidade de seres vivos, numa perspectiva evolutiva, a partir da utilização de métodos ativos de ensino e com o uso de tecnologias digitais.

Específicos:

- Reconhecer, de forma mais dinâmica, a terminologia utilizada para o estudo de árvores filogenéticas e cladogramas utilizando o método *Peer Instruction*.
- Confeccionar e analisar cladogramas com base em animais hipotéticos utilizando a *Inverted Classroom*.
- Estimular a participação e o protagonismo discente nas aulas de filogenia animal utilizando tecnologias da informação.

Conteúdos:

Temas estruturadores:

Evolução e Diversidade biológica.

Conteúdo Específico:

Sistemática moderna e parentesco evolutivo. Construção de cladogramas.

Conteúdo associado:

Classificação biológica, Teoria Evolutiva e biodiversidade.

Público alvo:

Alunos do Ensino Médio que estejam cursando a disciplina de Biologia ou a área de Ciências da Natureza e Matemática, dentro dos itinerários formativos.

Tempo total da Sequência Didática

Realizada em duas semanas de aula, com dois dias de aula na semana e duas aulas de 45min cada, mas nada impede uma adaptação a outras realidades

Procedimentos:

1. Parte A – *Peer Instruction* (Reconhecendo a terminologia associada ao estudo de filogenia)

Tendo como referência norteadora o livro: ***Peer Instruction*** – A revolução da aprendizagem ativa de Eric Mazur (2015), baseada no protagonismo do aluno, no estudo prévio e na interação com seus colegas de classe, através de discussões sobre questões conceituais mediadas pelo professor, o método *Peer Instruction* (PI) tem por objetivo transformar o comportamento do aluno em sala de aula, fazendo com que os mesmos se envolvam de forma mais efetiva na apresentação do conteúdo de ensino.

1.1 Conteúdo Abordado

LIVRO TEXTO – AMABIS E MARTHO	
VOLUME II – BIOLOGIA DOS ORGANISMOS	
CAPÍTULO 1 - SISTEMÁTICA E CLASSIFICAÇÃO BIOLÓGICA	
TÓPICO 1.2 – Classificação Biológica e Parentesco Evolutivo.	
TÓPICOS DE AULA	
1.	Classificação biológica e a teoria evolutiva
2.	Contribuição de Darwin para a classificação atual
3.	Homologias evolutivas
4.	Analogias evolutivas
5.	Convergência evolutiva
6.	Irradiação adaptativa
7.	Sistemática moderna
8.	Objetivos da sistemática
9.	Sistemática filogenética
10.	Cladogramas
11.	Conceitos básicos
12.	Plesiomorfia e simplesiomorfia
13.	Apomorfia e sinapomorfia
14.	Grupo monofilético e parafilético
15.	Grupos polifiléticos

Cada tópico de aula, para ser tratado, necessita de aproximadamente 15 minutos, sendo entre 7 a 10 minutos para exposição e 5 a 8 para aplicação de testes conceituais. Antes de cada aula, o estudante recebe um material que o auxiliará nas respectivas seções de leitura feitas preliminarmente. Esse material, chamado de “notas de aula” (Anexo 1), contém informações e dicas sobre os pontos importantes da leitura. Para a aula sobre filogenia são disponibilizados dois textos auxiliares, como também, as páginas do livro texto a serem lidas. A leitura preliminar é fundamental para o bom desenvolvimento da metodologia,

Na metodologia *Peer Instruction*, as aulas convencionais ganham um novo significado. Através de apresentações de curta duração são enfocados os tópicos importantes da aula, permitindo, com isso, um certo nível de compreensão e aprofundamento. Não temos no *Peer Instruction* uma exposição do conteúdo com um nível de detalhamento observado no livro texto, por exemplo. A exposição dos temas da aula é feita através de uma apresentação no software Power Point. Justifica-se a escolha desse recurso em virtude da facilidade de utilização, bem como, pela agilidade que o mesmo proporciona à aplicação dos testes conceituais e aplicativos de respostas rápida.

A aula PI é baseada em testes conceituais (Anexo 2) e de acordo com a porcentagem de acertos em cada questão o professor decide sobre a sequência da aula. Os testes conceituais sucedem

o momento expositivo. Cada um deles é constituído de uma questão que foca o tema escolhido; esses podem ser objetivos e visam incentivar a interação entre os alunos, assim como, direcionar a atenção dos estudantes para os conceitos que são considerados fundamentais. Ressaltamos que os testes conceituais são aplicados logo após o momento expositivo. Sua aplicação, em geral, apresenta o seguinte formato:

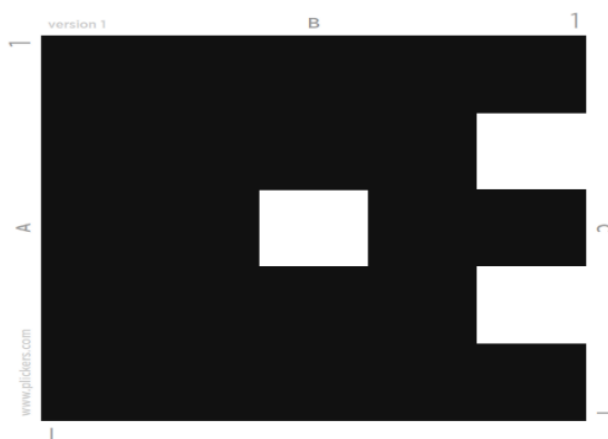
1. Proposição da questão	1 minuto
2. Tempo para os estudantes pensarem	1 minuto
3. Os estudantes anotam sua resposta individual e o professor faz o registro delas.	
4. Os estudantes discutem com os colegas (<i>Peer Instruction</i>).	1 – 2 minutos
5. Feedback para o professor (registro das respostas).	
6. Explicação da resposta correta.	2+ minutos

É importante destacar que o desenvolvimento da aula depende do percentual de acerto, dos alunos, no teste conceitual. A aula tem continuidade quando a maioria deles escolhe a resposta correta (> 70%), neste caso seguimos para o próximo tópico. Se o percentual de acertos for baixo (< 40%), o tópico é retomado, com uma abordagem diferente e mais devagar, e por último é aplicado um novo teste conceitual. Essa retomada é importante, pois evita que as dificuldades enfrentadas pelos alunos não sejam acumuladas ao longo da aula, ocasionando com isso, um certo desinteresse. Se o percentual de acertos estiver entre 40% e 70%, os alunos são incentivados a discutir entre eles as suas respostas (*Peer Instruction*). Depois de discutida a questão, é feito novamente o mesmo teste conceitual e o professor registra o percentual de acerto. Se mesmo assim, nenhuma ou pouca mudança foi percebida, explicamos o resultado do teste e aplicamos um novo.

O recurso utilizado pelo professor para registrar as respostas dos alunos envolve um aplicativo de resposta rápida chamado de Plickers. O aplicativo permite que o professor, com uso do seu smartphone, faça um apanhado das respostas dos alunos antes e depois da aplicação da metodologia em questão.

O aplicativo possui uma plataforma, disponível gratuitamente na internet. Depois de feito o cadastramento na mesma, é permitido incorporar qualquer questão. Com o uso de cards (Imagem 1), previamente confeccionados a partir de modelos disponíveis na plataforma e entregue aos alunos no momento da aplicação do teste conceitual, é possível registrar o percentual de acerto de cada um, em cada um dos testes, necessitando para isso, que a turma esteja cadastrada. Abaixo modelo de card do aplicativo plickers.

Imagem 1 –Exemplo de Card do Plickers



Fonte: <https://www.plickers.com>

O plickers é um dos muitos aplicativos que se destina a coletar, de forma prática e rápida, a resposta objetiva de alguém em um teste sobre um determinado tema. Mas de um modo particular, a razão que nos levou a escolher este aplicativo para executar a coleta das respostas, nos testes conceituais, foi a praticidade com que esses dados são armazenados no seu banco. Por exemplo, é possível saber qual item teve a preferência dos alunos em um determinado questionamento, bastando para isso, observar apenas a tela do aparelho celular. Com isso, a tomada de decisão sobre o próximo passo será bem mais eficiente.

2. PARTE B – *Inverted Classroom* (Construção de Cladogramas)

A referida sequência didática foi baseada no livro: Sala de aula invertida – Uma metodologia Ativa de Aprendizagem de Jonathan Bergmann e Aaron Sans (2017). De acordo com os referidos autores o que basicamente se inverte é: “O que tradicionalmente é feito em sala de aula, agora é executado em casa e o que tradicionalmente é feito como trabalho de casa, agora é realizado em sala de aula”. (Bergmann e Sans, 2017)

Para a execução dessa parte do estudo foram necessárias 4 h/a para a aplicação da metodologia. Essa sequência objetiva a construção e análise de um cladograma com base na história evolutiva de organismos hipotéticos.

2.1 Conteúdo Abordado

LIVRO TEXTO – AMABIS E MARTHO
VOLUME II – BIOLOGIA DOS ORGANISMOS
CAPÍTULO 1 - SISTEMÁTICA E CLASSIFICAÇÃO BIOLÓGICA
TÓPICO 2- Construção de Cladogramas
SUBTÓPICO - Análise e construção de Cladogramas

No final da aula anterior de instrução aos pares, os alunos foram apresentados ao tema cladograma. Na oportunidade eles conheceram as normas de leitura e interpretação dessas representações gráficas.

Antecipadamente os alunos recebem uma nota de aula “material de apoio “(Anexo 3) e um link para assistir a uma vídeo-aula abordando o tema em questão. A vídeo-aula está disponível no portal e-Aulas da USP e tem duração de aproximadamente 19 minutos, tendo por título “Construindo um Cladograma”, sendo essa etapa desenvolvida pelos mesmos em casa.

Endereço: <http://eaulas.usp.br/portal/video.action;jsessionid=1B394A23F577C51524FEDA3657212577?idItem=4597>

É importante destacar que para serem estimulados a observação do vídeo e do material de apoio, a participação do professor na sensibilização dos alunos no tocante ao compromisso nessa etapa é imprescindível, pois isso pode comprometer as etapas seguintes. Durante a execução do vídeo são enfocados alguns aspectos relevantes sobre o estudo de filogenia, e por conseguinte, no estudo de cladogramas. O vídeo aborda conceitos fundamentais na análise de cladogramas, tais como os de homologia, plesiomorfia, apomorfia, parcimônia e grupo-irmão. Os alunos são incentivados a assistir quantas vezes quiserem, a retroceder e avançar, a anotar as dúvidas e aspectos importantes, oriundos de sua observação nessa etapa do processo.

Nos primeiros 20 minutos da aula seguinte, as dúvidas que emergiram após a observação do vídeo são dirimidas em sala. Após esse momento, os alunos recebem do professor uma breve explicação, com base em um exemplo hipotético de como confeccionar um cladograma.

Depois disso a turma é dividida em grupos. De posse do material de apoio, disponibilizado juntamente com o vídeo contendo as informações de como construir um cladograma, cada equipe, irá confeccionar a sua matriz de caracteres com base na história evolutiva de organismos hipotéticos. Para isso, cada equipe recebe uma história evolutiva hipotética diferente, evitando assim que os cladogramas venham a ser iguais.

O material de aula que os alunos recebem é muito explicativo e aborda alguns aspectos importantes, tais como a visualização das semelhanças e diferenças entre as espécies analisadas e sua relação evolutiva, o modo de como codificar os caracteres, como montar uma matriz e avaliar o cladograma, dentre outros.

3. ANEXOS

Anexo 1

Sugestão de leitura 1

- Texto retirado da coleção “Ser Protagonista”, do autor André Catani, Volume 2, 3ª edição, 2016, Pág. 17.

Sistemática Moderna - Árvores Filogenéticas

FERRAMENTAS DA CIÊNCIA

Representando o parentesco evolutivo

As relações de parentesco evolutivo entre os seres vivos – também chamadas de filogenias – podem ser expressas por meio de diagramas, como as **árvores filogenéticas**.

Em uma árvore filogenética, parte-se de uma “raiz”, que se ramifica em vários ramos (imagem abaixo). A extremidade de cada ramo representa um táxon (espécie, gênero, família, etc.). Já os pontos de ramificação – chamados **nós** – representam os ancestrais hipotéticos compartilhados entre dois ou mais táxons. Os nós também representam o momento de separação entre duas linhagens – se os táxons forem espécies, serão eventos de especiação.

Árvore filogenética mostrando as relações de parentesco evolutivo entre quatro táxons (A, B, C e D). Note que o ancestral desses quatro táxons (nó 1) é mais antigo do que o ancestral que deu origem aos táxons B, C e D (nó 2), que por sua vez é mais antigo do que o ancestral que deu origem aos táxons C e D (nó 3).

Para entender as relações expressas em uma árvore filogenética, é importante observar onde está cada nó em relação à raiz, pois isso informa quais táxons são mais antigos e quais são mais recentes. Os ramos que saem de nós mais próximos da raiz são mais antigos do que aqueles que saem de nós mais distantes da raiz. Assim, na árvore filogenética mostrada acima, temos que A é um táxon mais antigo que os táxons B, C e D, por exemplo. Isso não significa, porém, que A seja ancestral de B, C e D – o ancestral desses três táxons é representado pelo nó 2.

Outro ponto importante é observar quais ramos saem de cada nó, pois isso informa quais táxons são mais aparentados entre si. Continuando com o mesmo exemplo,

1. Com base na árvore filogenética acima, assinale verdadeiro (V) ou falso (F) para as seguintes afirmações:

- O ramo que deu origem ao táxon B é tão antigo quanto aquele que deu origem aos táxons C e D.
- Os táxons A e B são mais aparentados entre si, pois ambos estão lado a lado na árvore filogenética.
- O táxon B deu origem aos táxons C e D, uma vez que ele surgiu primeiro na história evolutiva desse grupo.

plô, os táxons C e D são mais próximos evolutivamente, pois compartilham um ancestral comum exclusivo, que é representado pelo nó 3. Já os táxons B e C, por sua vez, não compartilham um ancestral comum exclusivo (o nó 2 também é comum a D).

Equívocos comuns ao ler uma árvore filogenética

- As relações de parentesco entre os táxons seguem um padrão ramificado, como o de uma árvore; logo, um táxon não dá origem a outro em uma árvore filogenética.

2. Os táxons representados do lado direito de uma árvore filogenética não são mais “avançados” ou “evoluídos” do que os que estão do lado esquerdo.

3. Os ramos que saem de cada nó de uma árvore filogenética podem “girar”, sendo arbitrária a escolha de qual deles será representado do lado esquerdo ou direito. Assim, as árvores filogenéticas mostradas abaixo são equivalentes.

Fonte de pesquisa das imagens: Understanding Evolution. Disponível em: <http://evolution.berkeley.edu/evolib/article/evo_07>. Acesso em: 11 jan. 2016.

Sugestão de leitura 2

- Texto extraído e compilado do Material Apostilado intitulado “Noções Básicas de Sistemática Filogenética de Sônia Lopes e Fanly Fungyi, disponível no endereço: https://midia.atp.usp.br/impressos/lic/modulo03/diversidade_biologica_filogenia_PLC0019/Bio_Filogenia_top04.pdf, Acesso em: 22/02/2019

4.1 Introdução

Como estudamos nos tópicos anteriores, todos os organismos vivos e fósseis descendem de um único ancestral comum. Todos evoluíram através de um processo de **descendência com modificação**, dando origem às milhares de formas hoje existentes.

No Tópico 1 foi apresentado como a humanidade historicamente tentou organizar e classificar esta incrível diversidade de animais, plantas, fungos e micro-organismos. Neste tópico, discutiremos como se deu o desenvolvimento das técnicas modernas de reconstrução filogenética, sua utilização para classificação e quais os principais fundamentos teóricos e metodológicos para sua prática.

4.2 Escolas de classificação baseadas em princípios evolutivos

Há duas escolas principais que se pautam no princípio evolutivo central de **descendência com modificação**: a evolutiva e a filogenética ou cladística.

Ambas partem de um aspecto simples, porém fundamental: organismos com relação de parentesco próxima são mais semelhantes que organismos com relação de parentesco relativamente mais distante. Isto porque parentes próximos tendem a herdar características que estavam presentes em um ancestral em comum. É fácil notar como irmãos parecem mais entre si do que quando comparados com outros parentes mais distantes ou outras pessoas.

Essas escolas divergem, no entanto, no modo como interpretam as relações de parentesco.

Na escola evolutiva, foi partindo desta simples observação que foram desenvolvidas classificações buscando simplesmente agrupar organismos semelhantes que reflitam o maior ou menor grau de parentesco. Para tal, os pesquisadores procuraram observar **caracteres** que pudessem de alguma forma auxiliar na identificação dos seres mais aparentados, observando peculiaridades ou traços discretos nos organismos como, por exemplo, estruturas, morfologia, citologia, embriologia, etc. É importante notar dois aspectos principais neste tipo de escola de classificação evolutiva. O primeiro é que as decisões sobre quais caracteres são importantes ou não é feita sem nenhum método objetivo e replicável (aspecto este fundamental em qualquer disciplina científica), e o segundo é que ela não permite a utilização de muitos caracteres simultaneamente.

O fato da escolha da importância dos caracteres ser relativamente arbitrária, dependendo do pesquisador ou dela ser mais evidente e fácil de analisar, tornou-se subsequentemente uma questão central na biologia, pois eles não necessariamente poderiam refletir as proximidades de parentesco. Todos os caracteres têm a mesma importância? Se não, quais caracteres devem ser utilizados em sistemas de classificação?

Estas questões só começaram a ser resolvidas com o desenvolvimento, do conceito de **homologia**. O curador do Museu de História Natural de Londres, **Richard Owen**, foi um dos grandes responsáveis pelo desenvolvimento desse conceito. Ele argumentava que existiam tantas semelhanças entre os membros anteriores de diferentes animais vertebrados como a nadadeira de uma foca e a mão de um ser humano, que as estruturas deveriam ser derivadas de uma única estrutura presente no ancestral comum de todos aqueles animais. Este conceito

entrelaça de maneira elegante e definitiva as observações provenientes da anatomia comparada com o pensamento evolutivo que começava a se desenvolver ao final do século 19. Este grande desenvolvimento intelectual resolve a primeira das questões: quais caracteres devem ser utilizados ao fazer reconstruções evolutivas? Os caracteres homólogos, por refletirem ancestralidade comum e, portanto, herdabilidade de caracteres, são os melhores candidatos para a reconstrução evolutiva.

No entanto, ainda resta um problema de ordem prática. Como determinar quais caracteres são homólogos? Que método deve ser utilizado para que possamos, de maneira objetiva e replicável, diferenciar os caracteres homólogos?

Por muito tempo, não existiam métodos analíticos para determinar a validade dos caracteres homólogos e eram consideradas racionalizações discursivas, ou seja, autoridades no assunto estudavam os diversos caracteres a fim de determinar a partir de sua opinião quais deveriam ser utilizados para reconstrução evolutiva e/ou classificação. No entanto, nas décadas de 1950 e 1960, o entomólogo alemão **Willi Hennig** propôs uma teoria capaz de lidar com todos os caracteres gerados pelos morfologistas de uma vez só, e ainda determinar através de um meio analítico quais seriam homólogos. Sua abordagem, hoje conhecida como **cladística** ou **sistemática filogenética**, revolucionou o campo da sistemática. Atualmente, a técnica é utilizada não somente para reconstruções históricas de parentesco entre os organismos, mas também como ferramenta preditiva em estudos epidemiológicos (maiores detalhes sobre isso será tratado ao final do tópico).

Na sistemática filogenética, entende-se que um caráter, eventualmente, poderá ser modificado na descendência, passando a se apresentar com variações, que serão subsequentemente, herdadas nas próximas gerações. Desta maneira, o caráter está presente no ancestral exclusivo de todos os herdeiros, e também em todos os herdeiros, mas nestes com uma modificação ou variação. Essa nova variação ou novo estado do caráter é considerado uma condição derivada, ou seja, surgiu a partir da modificação no estado do caráter previamente presente na linhagem ancestral. A condição derivada tem o potencial de servir como determinante para definir um novo grupo e é chamada **apomorfia** (do grego *apó* = longe de; *morphē* = forma) no paradigma moderno. Uma apomorfia pode ser exclusiva de apenas um grupo, sendo chamada nesse caso de **autapomorfia** (do grego *autos* = (eu) mesmo; *morphē* = forma), ou compartilhada por dois ou mais grupos, chamada **sinapomorfia** (do grego *synapsis* = ação de juntar; *morphē* = forma).

Há, no entanto, casos em que o caráter é herdado sem modificação, falando-se em estado **plesiomórfico** (do grego *plesios* = vizinho, significando próximo; *morphē* = forma) e não serve para definir um novo grupo. Quando esse estado plesiomórfico é compartilhado por mais de um agrupamento é chamado **simplesiomórfico**.

As **analogias**, ou seja, caracteres semelhantes que surgem em linhagens não aparentadas, devem ser discriminadas nas análises filogenéticas, pois elas podem gerar interpretações errôneas sobre relações de parentesco entre grupos de organismos. Esses caracteres análogos devem ser identificados para evitar que equivocadamente sejam usados para unir grupos não relacionados. Caracteres análogos são interpretados na filogenética como um tipo de **homoplasia** (do grego *homós* = semelhante, igual; *plásis* = ação de modelar, dar feição): semelhança estrutural decorrente de paralelismo ou convergência evolutiva, e não de ancestralidade comum.

Outro tipo de homoplasia que deve ser identificado nas análises filogenéticas é a perda, condição bastante comum na evolução. Vários caracteres são perdidos na evolução e precisamos saber se a ausência de um caráter na linhagem em estudo se deve a uma perda evolutiva (ou seja, o caráter estava presente no ancestral e foi perdido) ou se realmente aquele caráter nunca esteve presente na linhagem ancestral.

A diferenciação de todos esses tipos de condições é feita na sistemática filogenética com base em uma metodologia própria.

4.3 O método filogenético

Na sistemática filogenética, os caracteres de interesse são os apomórficos: derivados de um estado ancestral.

A questão restante, no entanto, é como diagnosticar quais caracteres são **apomórficos**. É importante que exista um método objetivo e replicável para a determinação destes caracteres, pois estas são necessidades em estudos científicos.

A abordagem de Willi Hennig se diferenciava de outras contemporâneas, pois buscava realizar a inferência histórica de maneira puramente lógica e científica. As principais linhas-guia de seu método são:

1. As relações entre espécies são **estritamente genealógicas**, ou seja, verticais;
2. As **apomorfias** são o único tipo de evidência que identifica; **ancestralidade em comum** e são elas que definem novos agrupamentos;
3. A máxima conformidade com a evidência deve ser determinada utilizando-se o **princípio auxiliar da parcimônia**.

Dentre os três princípios gerais, apenas os dois primeiros são baseados no conhecimento biológico. O terceiro princípio é evocado da disciplina da filosofia lógica para ajudar a resolver questões em que a evidência em mãos aponta várias possibilidades de resposta. O princípio da parcimônia, também conhecido como “a navalha de Occam”, é enunciado da seguinte maneira: “Se em tudo o mais forem idênticas as explicações, a mais simples é a melhor”. Em termos filogenéticos, a explicação mais simples de relação filogenética entre os organismos é aquela que assume o menor número de **passos evolutivos**, ou seja, o menor número de mudanças de estado dos caracteres. Desta maneira, os cientistas se utilizam de métodos especiais para calcular qual árvore possui o menor número de passos. Estes métodos são em geral executados por programas de computador, mas em alguns casos, pode-se executar até mesmo de maneira manual.

Interpretando uma árvore filogenética

As representações A, B e C nos dizem a mesma coisa em questão de relação entre os terminais. No caso da representação B, no entanto, os ramos estão mais quadrados (uma modificação puramente estética do que está em A), e na C, a única diferença é que os ramos foram alongados para alinhar os terminais no topo (novamente, uma modificação estética de A e B), o que pode ser feito já que os comprimentos relativos não possuem significado temporal.

As apomorfias, principalmente em estudos morfológicos, podem estar indicadas em uma árvore.

Veja no exemplo abaixo que o grupo C+D é unificado pela apomorfia 1, o grupo B+C+D é unificado pela apomorfia 2 e assim por diante.

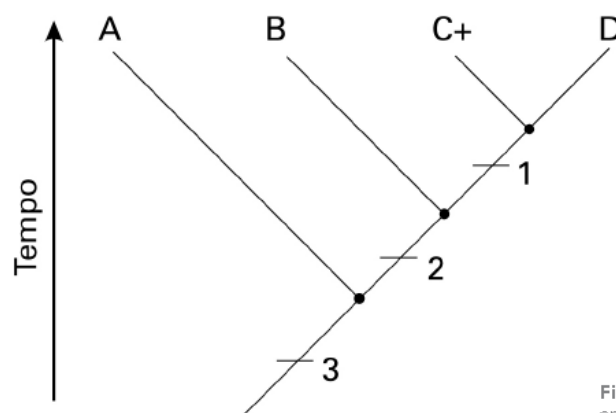


Figura 4.5: Cladograma com as apomorfias indicadas

Os grupos unificados por apomorfias são denominados **monofiléticos** (do grego *monos* = único; *filético* = refere-se à linhagem), pois contêm em uma única linhagem um ancestral e inclui todos os seus descendentes. Desta maneira, C+D compõem um grupo monofilético definido pela apomorfia 1. Do mesmo modo, B + o ramos que inclui (C+D) é monofilético, definindo pela apomorfia 2.

No entanto, agrupamentos que excluem uma das linhagens descendentes, são chamados **parafiléticos** (do grego *para* = ao lado de; *filético* = refere-se à linhagem). Por exemplo, se considerarmos apenas as linhagens B+C, elas são parafiléticas, pois excluimos a linhagem D. Se o grupo excluir mais de uma das linhagens descendentes, como por exemplo, o grupamento A+C exclui tanto B quanto D, é denominado **polifilético** (do grego *polys* = muito; *filético* = refere-se à linhagem).

No paradigma estabelecido por Willi Hennig, somente os grupos **monofiléticos** devem ser considerados naturais.

Grupos que compartilham o mesmo nó exclusivo são chamados grupos-irmãos. Assim, C e D são grupos irmãos, pois compartilham exclusivamente um nó. Por sua vez, B é grupo irmão do conjunto formado pelos grupos (B+C), pois também compartilham um nó exclusivo.

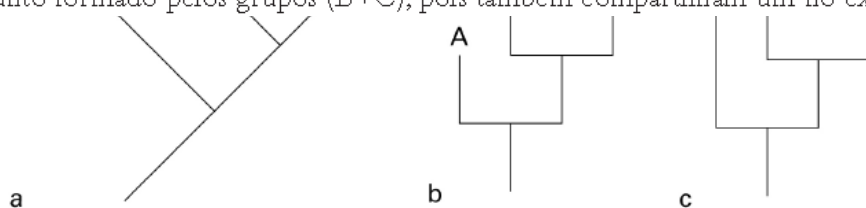


Figura 4.2: Representações de cladogramas

Sugestão de leitura 3

- Texto retirado da coleção “Biologia em Contexto” dos autores Amabis e Martho, Volume 3, 1º edição, 2016, Pág. 15 a 17.

Anexo 2

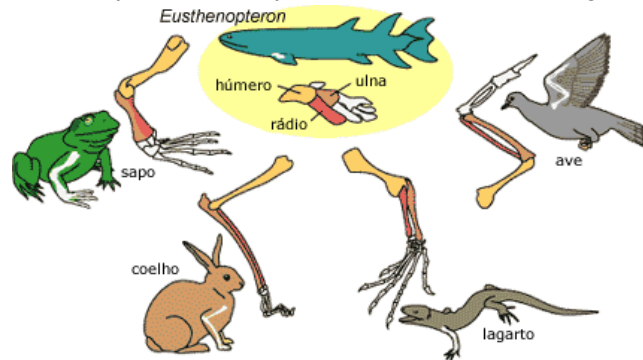
TESTES CONCEITUAIS

TC1 - Em meados do século XIX, uma nova teoria revolucionou a Biologia e teve impacto direto sobre a classificação biológica: a teoria evolucionista de Charles Darwin. Com base nessa teoria, o que dizer sobre as espécies e sua classificação biológica: (Texto do autor)

- a) Seu número é fixo e foi determinado por Deus no momento da criação.
- b) O habitat dos organismos deveria ser o critério principal de classificação biológica.
- c) Todos os seres vivos atuais descendem dos primeiros seres que surgiram na Terra a bilhões de anos atrás.
- d) Espécies que se diversificaram mais recentemente de uma espécie ancestral tendem a ter menos semelhanças entre si.

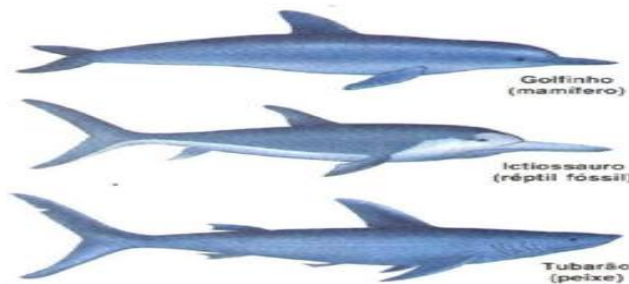
TC2 - Observe a figura abaixo, nela estão representados alguns animais do filo Chordata. O que a mesma sugere? (Texto do Autor)

Fonte: <http://www.ib.usp.br/evosite/lines/IIhomologies.shtml>



- a) Hierarquia funcional por conta do tamanho dos membros anteriores.
- b) Adaptação ao mesmo tipo de habitat.
- c) Parentesco evolutivo entre os seres.
- d) Maior semelhança evolutiva entre o sapo e o lagarto do que entre o coelho e a ave.

TC3 - O que a imagem sugere: (Texto do autor)

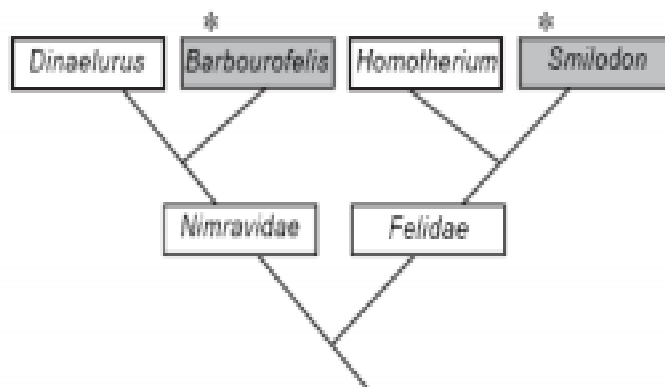


<https://www.colegioweb.com.br/origem-da-vida-e-evolucao/irradiacao-adaptativa-e-convergencia-evolutiva.html>

- a) Adaptação a ambientes diferentes.
- b) Adaptação ao mesmo tipo de alimento.
- c) Mesma origem embrionária e estruturas adaptadas a mesma função.
- d) Origem embrionária diferente e estruturas adaptadas a mesma função.

TC4 - Os tigres de dentes-de-sabre são mamíferos extintos. Esses animais possuíam caninos superiores muito desenvolvidos, em forma de sabre. Um fato menos conhecido é que houve várias espécies de mamíferos placentários com dentes-de-sabre. O diagrama a seguir mostra a

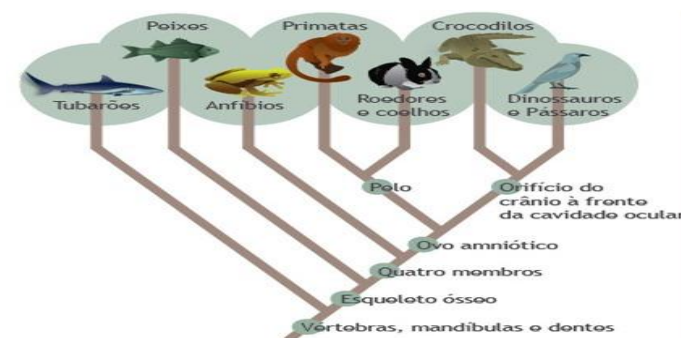
filogenia provável dos tigres de dentes-de-sabre placentários *Barbourofelis* e *Smilodon*. Apenas os retângulos sombreados representam tigres de dentes-de-sabre. A presença da característica dentes-de-sabre em *Barbourofelis* e *Smilodon* representa um caso de: homologia ou de analogia?



Fonte: <https://exerciciosweb.com.br/ecologia/radiacao-adaptativa-e-convergencia-evolutiva-02/>

- a) Irradiação adaptativa
- b) Isolamento geográfico
- c) Especiação
- d) Convergência adaptativa

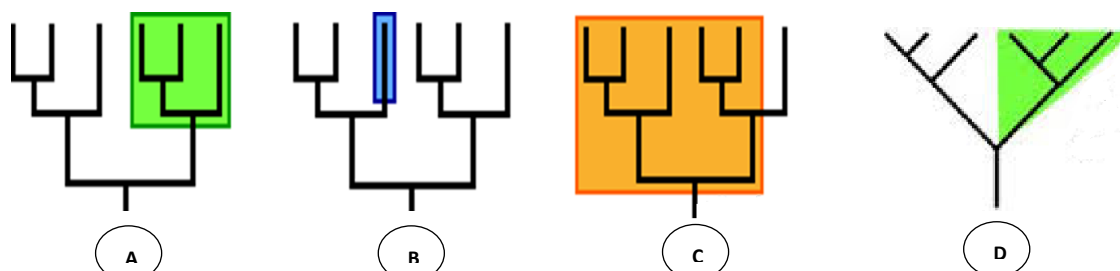
TC5 - Com base no cladograma abaixo, assinale a alternativa Correta. (Texto do autor)



Fonte: <https://brainly.com.br/tarefa/8951401>

- a) Roedores e primatas apresentam “pelo” como carácter plesiomórfico no grupo vertebrado.
- b) Orifício do crânio à frente da cavidade ocular constitui uma plesiomorfia para pássaros e dinossauros apenas.
- c) Quatro membros é um carácter simplesiomórfico para anfíbios, mamíferos, aves e répteis.
- d) Quatro membros é um carácter apomórfico para os vertebrados.

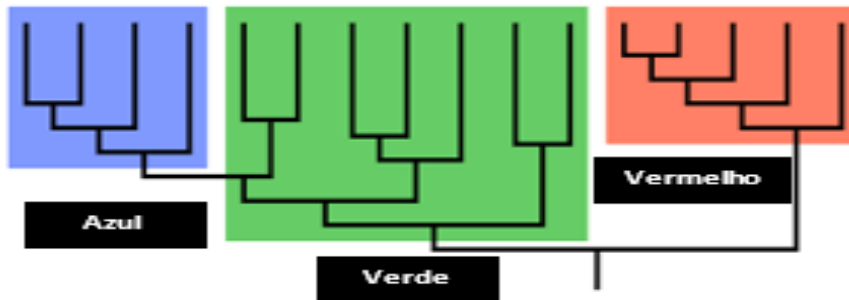
TC6 - Qual dos cladogramas abaixo NÃO representa um grupo Monofilético? (Texto do autor)



Fonte: <http://uenf.br/posgraduacao/gmp/wp-content/uploads/sites/6/2013/05/EPC-6-20151.pdf>

TC7 - As áreas destacadas no cladograma abaixo podem representar grupos ou clados. Com base nas definições de grupos monofiléticos e merofiléticos, podemos dizer que os grupos Monofiléticos estão representados pelas cores:

- a) Azul e vermelho.
- b) Azul e verde.
- c) Verde e vermelho.
- d) Azul, verde e vermelho.



Fonte: <http://uenf.br/posgraduacao/gmp/wp-content/uploads/sites/6/2013/05/EPC-6-20151.pdf>

Anexo 3

ROTEIRO DE AULA PRÁTICA CONSTRUÇÃO DA HISTÓRIA EVOLUTIVA DE ORGANISMOS HIPOTÉTICOS

1. Definição

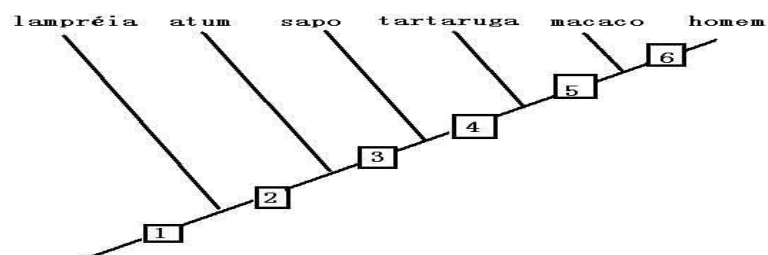
Cladogramas são representações gráficas das relações e da evolução dos seres vivos de um determinado grupo. Podem basear-se nas características morfológicas, fisiológicas, como também, em suas relações evolutivas.

2. Passo a passo de como montar um cladograma:

2.1-Antes de montar o cladograma é importante visualizar as diferenças e semelhanças entre as espécies analisadas, bem como a sua relação evolutiva. Para tanto, convém montar uma tabela com o nome dos seres e suas respectivas características;

2.2-Feita a tabela os dados devem ser analisados para que a estrutura do cladograma possa ser estudada.

2.3-Depois que todos os resultados forem encontrados pode-se começar a fazer o cladograma. O modelo é o que se encontra abaixo:



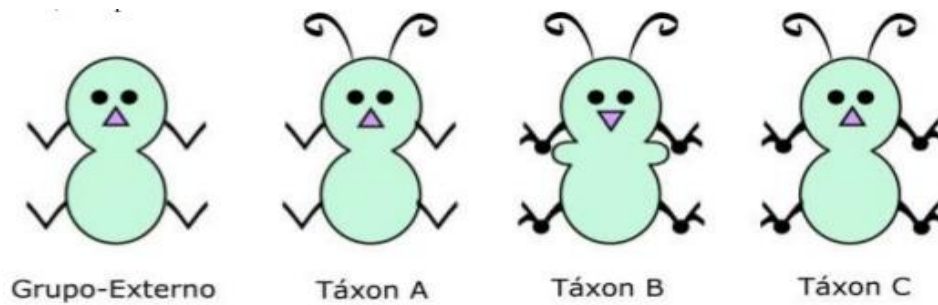
2.4-A próxima etapa é a mais importante e talvez uma das mais complicadas: é a hora de **preencher** o cladograma com os seres e as suas características. Para isso é importante levar em consideração a ordem do modelo acima com o nome da espécie no fim das retas paralelas e a característica em questão nos "nós". A ordem de colocação das características também é importante. Da direita para a esquerda devem ser colocadas as mais comuns, presentes em todas as espécies que estão a sua esquerda. Usando o modelo acima podemos dizer que o número 1 representará uma característica ou um traço biológico que esteja presente em todos os seres citados. No número 2, uma das características presentes em todos menos na lampréia, e assim sucessivamente.

3. Atividade Prática

Faça uma análise cladística dos organismos abaixo. Inicie com um levantamento dos caracteres que variam entre eles (os estados); codifique os caracteres usando o número (0) para carácter plesiomórfico e o número (1) para carácter apomórfico. Monte uma matriz de polaridade dos caracteres; utilizando por base o grupo-externo, tente construir o cladograma mais parcimonioso.

Exemplo de Matriz de polaridade dos caracteres para construção do cladograma

Táxon/Caracteres	1	2	3	4
A				
B				
C				
GE (Grupo Externo)				



Grupo-irmão.

-Grupo irmão: grupos (táxons) que compartilham um ancestral comum mais recente são chamados de grupos irmãos.

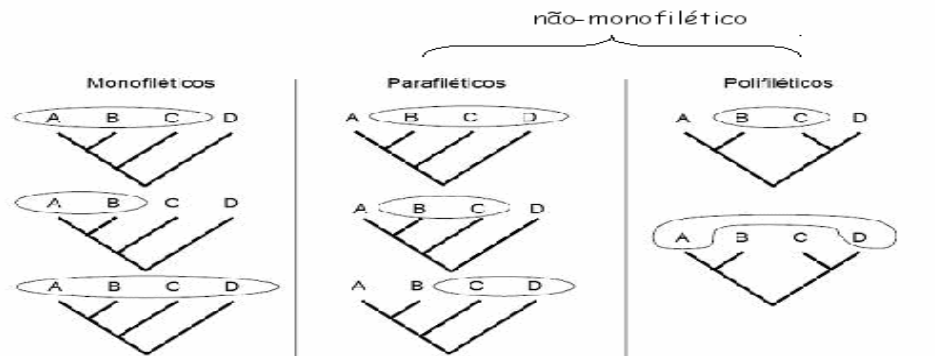
Grupos monofiléticos e não-monofiléticos

Grupo Monofilético: inclui todos (e somente) os descendentes do ancestral comum mais recente

Grupo Não Monofilético:

-Não inclui todos os descendentes do ancestral comum mais recente (parafilético)

-Não inclui o ancestral comum mais recente e todos os seus descendentes (polifilético)



Caracteres

-Nos cladogramas, os caracteres são marcados como traços nos ramos onde eles surgiram, seguidos de um número, ou letra, ou descrição.

-No cladograma abaixo, célula eucariota, tecidos, crânio, pulmões e pelo são caracteres, marcados com traço vermelho.



- As relações de parentesco mostradas em um cladograma são estabelecidas em função das homologias (caracteres homólogos).

- Uma homologia é um caráter compartilhado entre duas ou mais espécies que estava presente em seu ancestral comum (mesma origem).

- Cada caráter indicado no cladograma abaixo é um caráter homólogo dos descendentes de um dado ancestral.

- Por exemplo, os pulmões de lagartixas e ratos são homólogos; as células eucariotas de fungo, mariposa, peixe, lagartixa e rato, são homólogas; o crânio de peixe, lagartixa e rato é homólogo.

Homologia

Uma homologia pode ser ancestral (plesiomorfia) ou derivada (apomorfia).

A homologia ancestral (plesiomorfia) é “primitiva”, mais antiga.

Uma homologia derivada (apomorfia) é mais recente.

Por exemplo, a presença de pulmão é uma plesiomorfia do rato. O pulmão já estava presente em um ancestral mais antigo, que originou lagartixa e rato. A presença de pelo é uma apomorfia de rato: é um caráter que surgiu no grupo dos ratos, não estava presente em ancestral anterior a ele.

ROTEIRO DE AULA PRÁTICA 2

CONSTRUÇÃO DA HISTÓRIA EVOLUTIVA DE ORGANISMOS HIPOTÉTICOS

1. Definição

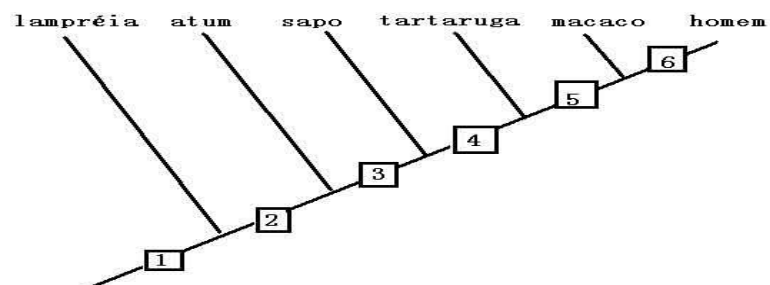
Cladogramas são representações gráficas das relações e da evolução dos seres vivos de um determinado grupo. Podem basear-se nas características morfológicas, fisiológicas, como também, em suas relações evolutivas.

2. Passo a passo de como montar um cladograma:

2.1-Antes de montar o cladograma é importante visualizar as diferenças e semelhanças entre as espécies analisadas, bem como a sua relação evolutiva. Para tanto, convém montar uma tabela com o nome dos seres e suas respectivas características;

2.2-Feita a tabela os dados devem ser analisados para que a estrutura do cladograma possa ser estudada.

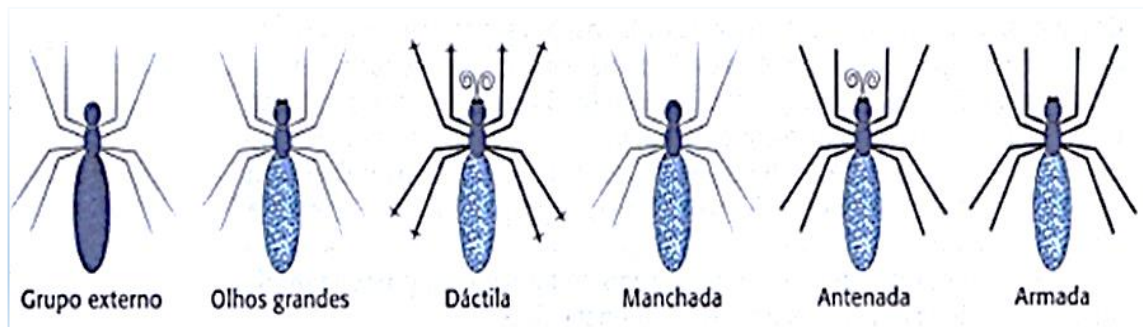
2.3-Depois que todos os resultados forem encontrados pode-se começar a fazer o cladograma. O modelo é o que se encontra abaixo:



2.4-A próxima etapa é a mais importante e talvez uma das mais complicadas: é a hora de preencher o cladograma com os seres e as suas características. Para isso é importante levar em consideração a ordem do modelo acima com o nome da espécie no fim das retas paralelas e a característica em questão nos “nós”. A ordem de colocação das características também é importante. Da direita para a esquerda devem ser colocadas as mais comuns, presentes em todas as espécies que estão à sua esquerda. Usando o modelo acima podemos dizer que o número 1 representará uma característica ou um traço biológico que esteja presente em todos os seres citados. No número 2, uma das características presentes em todos menos na lampréia, e assim sucessivamente.

3. Atividade Prática

Faça uma análise cladística dos organismos abaixo. Inicie com um levantamento dos caracteres que variam entre eles (os estados); codifique os caracteres usando o número (0) para caráter plesiomórfico e o número (1) para caráter apomórfico. Monte uma matriz de polaridade dos caracteres; utilizando por base o grupo-externo, tente construir o cladograma mais parcimonioso.



Exemplo de Matriz de polaridade dos caracteres para construção do cladograma

Táxon/Caracteres	1	2	3	4
GE (Grupo externo)				
Olhos Grandes				
Dáctila				
Manchada				
Antenada				
Armada				

Grupo-irmão.

-Grupo irmão: grupos (táxons) que compartilham um ancestral comum mais recente são chamados de grupos irmãos.

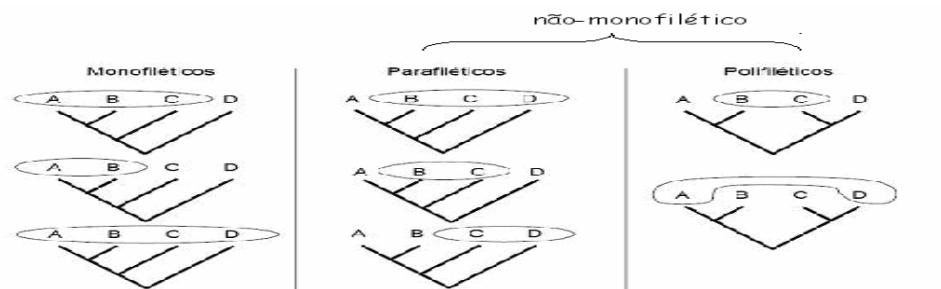
Grupos monofiléticos e não-monofiléticos

Grupo Monofilético: inclui todos (e somente) os descendentes do ancestral comum mais recente

Grupo Não Monofilético:

-Não inclui todos os descendentes do ancestral comum mais recente (parafilético)

-Não inclui o ancestral comum mais recente e todos os seus descendentes (polifilético)



Caracteres

-Nos cladogramas, os caracteres são marcados como traços nos ramos onde eles surgiram, seguidos de um número, ou letra, ou descrição.

-No cladograma abaixo, célula eucariota, tecidos, crânio, pulmões e pelo são caracteres, marcados com traço vermelho.



- As relações de parentesco mostradas em um cladograma são estabelecidas em função das homologies (caracteres homólogos).
- Uma homologia é um caráter compartilhado entre duas ou mais espécies que estava presente em seu ancestral comum (mesma origem).
- Cada caráter indicado no cladograma abaixo é um caráter homólogo dos descendentes de um dado ancestral.
- Por exemplo, os pulmões de lagartixas e ratos são homólogos; as células eucariotas de fungo, mariposa, peixe, lagartixa e rato, são homólogas; o crânio de peixe, lagartixa e rato é homólogo.

Homologia

Uma homologia pode ser ancestral (plesiomorfia) ou derivada (apomorfia).

A homologia ancestral (plesiomorfia) é “primitiva”, mais antiga.

Uma homologia derivada (apomorfia) é mais recente.

Por exemplo, a presença de pulmão é uma plesiomorfia do rato. O pulmão já estava presente em um ancestral mais antigo, que originou lagartixa e rato. A presença de pelo é uma apomorfia de rato: é um caráter que surgiu no grupo dos ratos, não estava presente em ancestral anterior a ele.

ROTEIRO DE AULA PRÁTICA 3

CONSTRUÇÃO DA HISTÓRIA EVOLUTIVA DE ORGANISMOS HIPOTÉTICOS

1. Definição

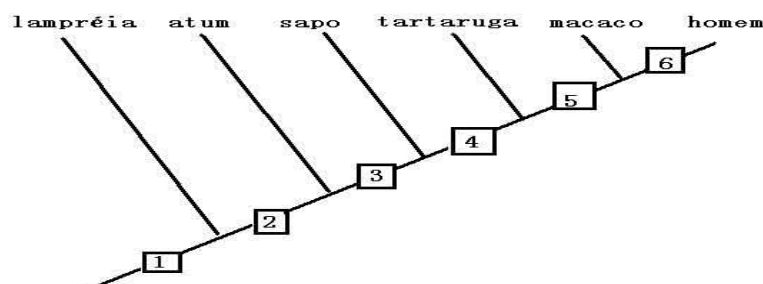
Cladogramas são representações gráficas das relações e da evolução dos seres vivos de um determinado grupo. Podem basear-se nas características morfológicas, fisiológicas, como também, em suas relações evolutivas.

2. Passo a passo de como montar um cladograma:

2.1-Antes de montar o cladograma é importante visualizar as diferenças e semelhanças entre as espécies analisadas, bem como a sua relação evolutiva. Para tanto, convém montar uma tabela com o nome dos seres e suas respectivas características;

2.2-Feita a tabela os dados devem ser analisados para que a estrutura do cladograma possa ser estudada.

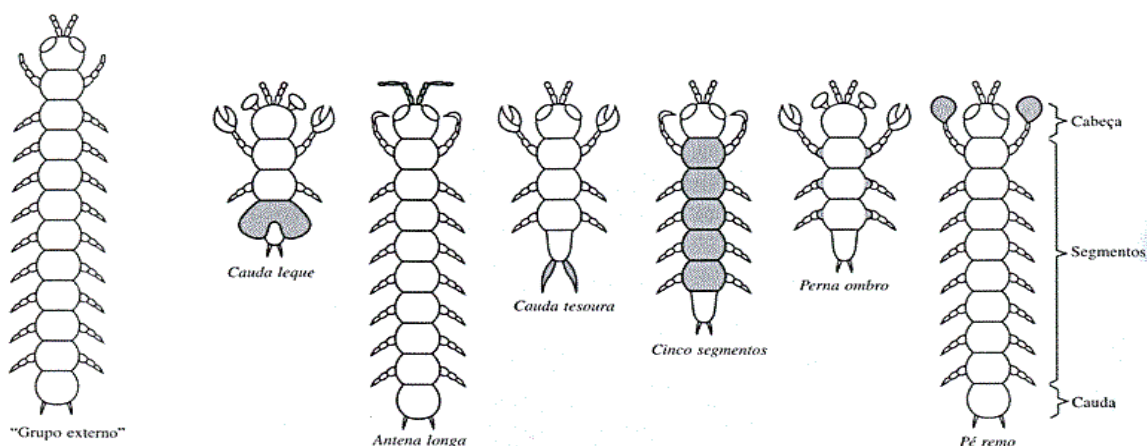
2.3-Depois que todos os resultados forem encontrados pode-se começar a fazer o cladograma. O modelo é o que se encontra abaixo:



2.4-A próxima etapa é a mais importante e talvez uma das mais complicadas: é a hora de preencher o cladograma com os seres e as suas características. Para isso é importante levar em consideração a ordem do modelo acima com o nome da espécie no fim das retas paralelas e a característica em questão nos “nós”. A ordem de colocação das características também é importante. Da direita para a esquerda devem ser colocadas as mais comuns, presentes em todas as espécies que estão a sua esquerda. Usando o modelo acima podemos dizer que o número 1 representará uma característica ou um traço biológico que esteja presente em todos os seres citados. No número 2, uma das características presentes em todos menos na lampreia, e assim sucessivamente.

3. Atividade Prática

Faça uma análise cladística dos organismos abaixo. Inicie com um levantamento dos caracteres que variam entre eles (os estados); codifique os caracteres usando o número (0) para carácter plesiomórfico e o número (1) para carácter apomórfico. Monte uma matriz de polaridade dos caracteres; utilizando por base o grupo-externo, tente construir o cladograma mais parcimonioso.



Exemplo de Matriz de polaridade dos caracteres para construção do cladograma

Táxon/Caracteres	1	2	3	4
GE (Grupo externo)				
Cauda leque				
Antena longa				
Cauda tesoura				
Cinco segmentos				
Perna ombro				

Pé remo				
---------	--	--	--	--

Grupo-irmão.

-Grupo irmão: grupos (táxons) que compartilham um ancestral comum mais recente são chamados de grupos irmãos.

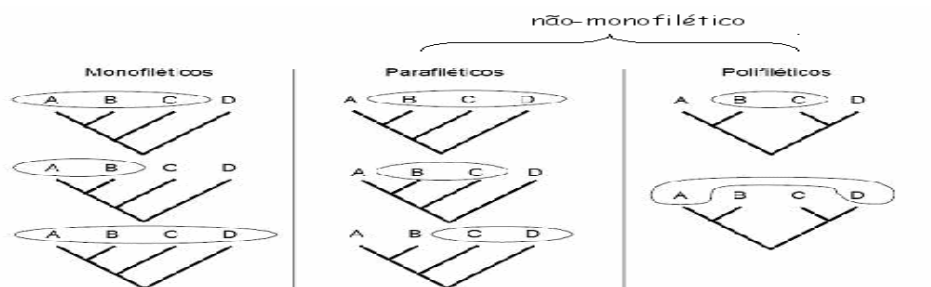
Grupos monofiléticos e não-monofiléticos

Grupo Monofilético: inclui todos (e somente) os descendentes do ancestral comum mais recente

Grupo Não Monofilético:

-Não inclui todos os descendentes do ancestral comum mais recente (parafilético)

-Não inclui o ancestral comum mais recente e todos os seus descendentes (polifilético)



Caracteres

-Nos cladogramas, os caracteres são marcados como traços nos ramos onde eles surgiram, seguidos de um número, ou letra, ou descrição.

-No cladograma abaixo, célula eucariota, tecidos, crânio, pulmões e pelo são caracteres, marcados com traço vermelho.



- As relações de parentesco mostradas em um cladograma são estabelecidas em função das homologias (caracteres homólogos).

- Uma homologia é um caráter compartilhado entre duas ou mais espécies que estava presente em seu ancestral comum (mesma origem).

- Cada caráter indicado no cladograma abaixo é um caráter homólogo dos descendentes de um dado ancestral.

- Por exemplo, os pulmões de lagartixas e ratos são homólogos; as células eucariotas de fungo, mariposa, peixe, lagartixa e rato, são homólogos; o crânio de peixe, lagartixa e rato é homólogo.

Homologia

Uma homologia pode ser ancestral (plesiomorfia) ou derivada (apomorfia).

A homologia ancestral (plesiomorfia) é "primitiva", mais antiga.

Uma homologia derivada (apomorfia) é mais recente.

Por exemplo, a presença de pulmão é uma plesiomorfia do rato. O pulmão já estava presente em um ancestral mais antigo, que originou lagartixa e rato. A presença de pelo é uma apomorfia de rato: é um caráter que surgiu no grupo dos ratos, não estava presente em ancestral anterior a ele.

ROTEIRO DE AULA PRÁTICA 4 CONSTRUÇÃO DA HISTÓRIA EVOLUTIVA DE ORGANISMOS HIPOTÉTICOS

1. Definição

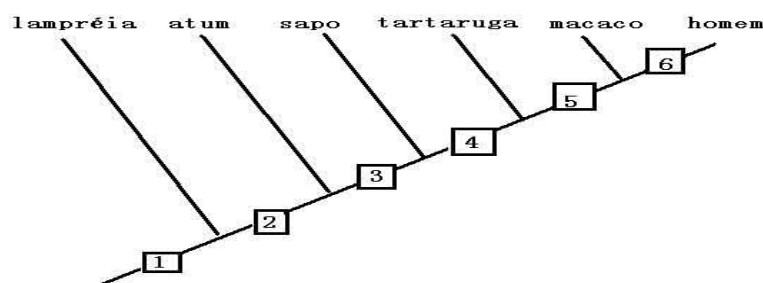
Cladogramas são representações gráficas das relações e da evolução dos seres vivos de um determinado grupo. Podem basear-se nas características morfológicas, fisiológicas, como também, em suas relações evolutivas.

2. Passo a passo de como montar um cladograma:

2.1-Antes de montar o cladograma é importante visualizar as diferenças e semelhanças entre as espécies analisadas, bem como a sua relação evolutiva. Para tanto, convém montar uma tabela com o nome dos seres e suas respectivas características;

2.2-Feita a tabela os dados devem ser analisados para que a estrutura do cladograma possa ser estudada.

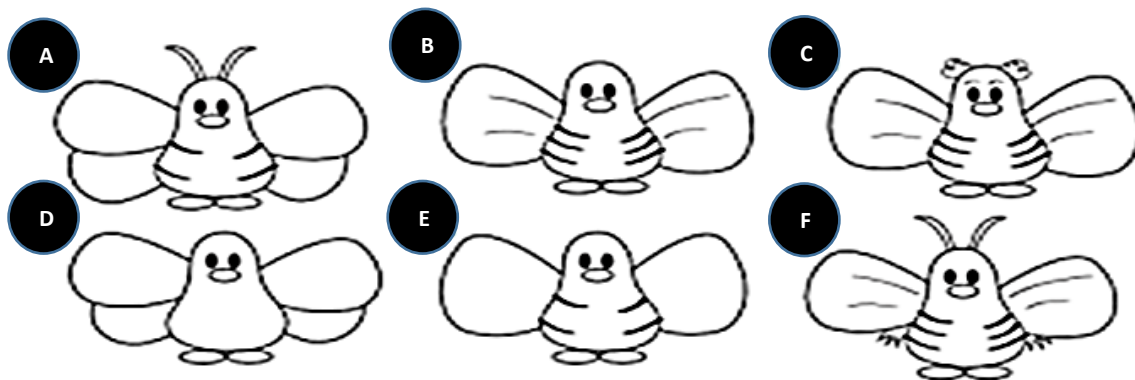
2.3-Depois que todos os resultados forem encontrados pode-se começar a fazer o cladograma. O modelo é o que se encontra abaixo:



2.4-A próxima etapa é a mais importante e talvez uma das mais complicadas: é a hora de preencher o cladograma com os seres e as suas características. Para isso é importante levar em consideração a ordem do modelo acima com o nome da espécie no fim das retas paralelas e a característica em questão nos "nós". A ordem de colocação das características também é importante. Da direita para a esquerda devem ser colocadas as mais comuns, presentes em todas as espécies que estão a sua esquerda. Usando o modelo acima podemos dizer que o número 1 representará uma característica ou um traço biológico que esteja presente em todos os seres citados. No número 2, uma das características presentes em todos menos na lampréia, e assim sucessivamente.

3. Atividade Prática

Faça uma análise cladística dos organismos abaixo. Inicie com um levantamento dos caracteres que variam entre eles (os estados); codifique os caracteres usando o número (0) para carácter plesiomórfico e o número (1) para carácter apomórfico. Monte uma matriz de polaridade dos caracteres; utilizando por base o grupo-externo (Táxon E), tente construir o cladograma mais parcimonioso.



Exemplo de Matriz de polaridade dos caracteres para construção do Cladograma

Táxon/Caracteres	1	2	3	4
GE (Grupo externo)				
Táxon A				
Táxon B				
Táxon C				
Táxon D				
Táxon E (GE)				

Grupo-irmão.

-Grupo irmão: grupos (táxons) que compartilham um ancestral comum mais recente são chamados de grupos irmãos.

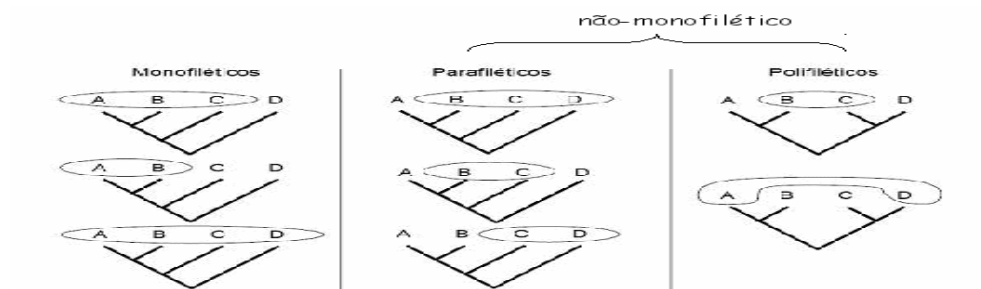
Grupos monofiléticos e não-monofiléticos

Grupo Monofilético: inclui todos (e somente) os descendentes do ancestral comum mais recente

Grupo Não Monofilético:

-Não inclui todos os descendentes do ancestral comum mais recente (parafilético)

-Não inclui o ancestral comum mais recente e todos os seus descendentes (polifilético)



Caracteres

-Nos cladogramas, os caracteres são marcados como traços nos ramos onde eles surgiram, seguidos de um número, ou letra, ou descrição.

-No cladograma abaixo, célula eucariota, tecidos, crânio, pulmões e pelo são caracteres, marcados com traço vermelho.



- As relações de parentesco mostradas em um cladograma são estabelecidas em função das homologias (caracteres homólogos).

- Uma homologia é um caráter compartilhado entre duas ou mais espécies que estava presente em seu ancestral comum (mesma origem).

- Cada caráter indicado no cladograma abaixo é um caráter homólogo dos descendentes de um dado ancestral.

- Por exemplo, os pulmões de lagartixas e ratos são homólogos; as células eucariotas de fungo, mariposa, peixe, lagartixa e rato, são homólogas; o crânio de peixe, lagartixa e rato é homólogo.

Homologia

Uma homologia pode ser ancestral (plesiomorfia) ou derivada (apomorfia).

A homologia ancestral (plesiomorfia) é “primitiva”, mais antiga.

Uma homologia derivada (apomorfia) é mais recente.

Por exemplo, a presença de pulmão é uma plesiomorfia do rato. O pulmão já estava presente em um ancestral mais antigo, que originou lagartixa e rato. A presença de pelo é uma apomorfia de rato: é um caráter que surgiu no grupo dos ratos, não estava presente em ancestral anterior a ele.

ROTEIRO DE AULA PRÁTICA 5 CONSTRUÇÃO DA HISTÓRIA EVOLUTIVA DE ORGANISMOS HIPOTÉTICOS

1. Definição

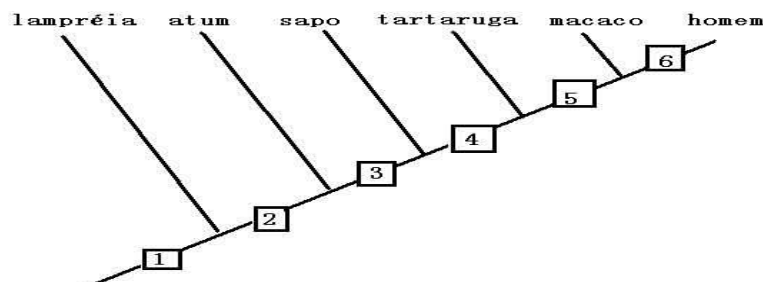
Cladogramas são representações gráficas das relações e da evolução dos seres vivos de um determinado grupo. Podem basear-se nas características morfológicas, fisiológicas, como também, em suas relações evolutivas.

2. Passo a passo de como montar um cladograma:

2.1-Antes de montar o cladograma é importante visualizar as diferenças e semelhanças entre as espécies analisadas, bem como a sua relação evolutiva. Para tanto, convém montar uma tabela com o nome dos seres e suas respectivas características;

2.2-Feita a tabela os dados devem ser analisados para que a estrutura do cladograma possa ser estudada.

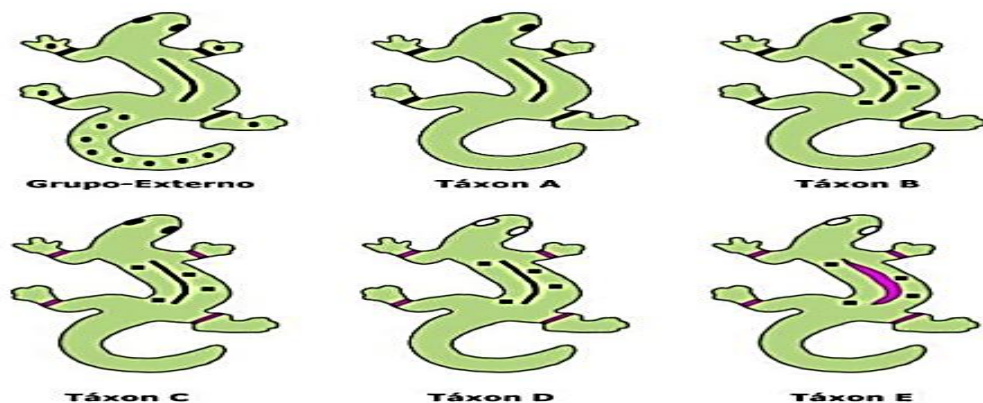
2.3-Depois que todos os resultados forem encontrados pode-se começar a fazer o cladograma. O modelo é o que se encontra abaixo:



2.4-A próxima etapa é a mais importante e talvez uma das mais complicadas: é a hora de preencher o cladograma com os seres e as suas características. Para isso é importante levar em consideração a ordem do modelo acima com o nome da espécie no fim das retas paralelas e a característica em questão nos “nós”. A ordem de colocação das características também é importante. Da direita para a esquerda devem ser colocadas as mais comuns, presentes em todas as espécies que estão a sua esquerda. Usando o modelo acima podemos dizer que o número 1 representará uma característica ou um traço biológico que esteja presente em todos os seres citados. No número 2, uma das características presentes em todos menos na lampréia, e assim sucessivamente.

3. Atividade Prática

Faça uma análise cladística dos organismos abaixo. Inicie com um levantamento dos caracteres que variam entre eles (os estados); codifique os caracteres usando o número (0) para caráter plesiomórfico e o número (1) para caráter apomórfico. Monte uma matriz de polaridade dos caracteres; utilizando por base o grupo-externo, tente construir o cladograma mais parcimonioso.



Exemplo de Matriz de polaridade dos caracteres para construção do cladograma

Táxon/Caracteres	1	2	3	4
GE (Grupo externo)				
Táxon A				
Táxon B				
Táxon C				
Táxon D				
Táxon E				

Grupo-irmão.

-Grupo irmão: grupos (táxons) que compartilham um ancestral comum mais recente são chamados de grupos irmãos.

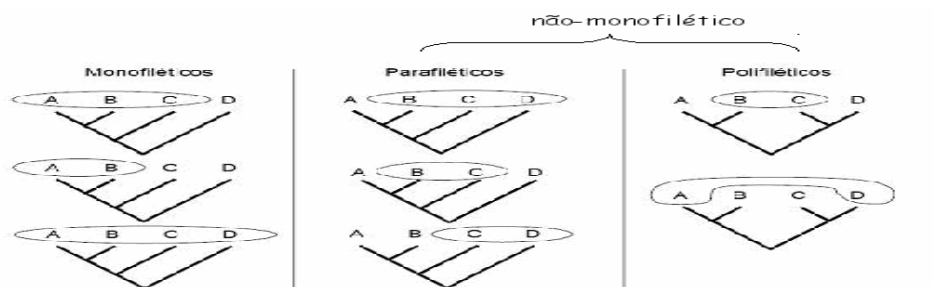
Grupos monofiléticos e não-monofiléticos

Grupo Monofilético: inclui todos (e somente) os descendentes do ancestral comum mais recente

Grupo Não Monofilético:

-Não inclui todos os descendentes do ancestral comum mais recente (parafilético)

-Não inclui o ancestral comum mais recente e todos os seus descendentes (polifilético)



Caracteres

-Nos cladogramas, os caracteres são marcados como traços nos ramos onde eles surgiram, seguidos de um número, ou letra, ou descrição.

-No cladograma abaixo, célula eucariota, tecidos, crânio, pulmões e pelo são caracteres, marcados com traço vermelho.



- As relações de parentesco mostradas em um cladograma são estabelecidas em função das homologias (caracteres homólogos).
- Uma homologia é um caráter compartilhado entre duas ou mais espécies que estava presente em seu ancestral comum (mesma origem).
- Cada caráter indicado no cladograma abaixo é um caráter homólogo dos descendentes de um dado ancestral.
- Por exemplo, os pulmões de lagartixas e ratos são homólogos; as células eucariotas de fungo, mariposa, peixe, lagartixa e rato, são homólogas; o crânio de peixe, lagartixa e rato é homólogo.

Homologia

Uma homologia pode ser ancestral (plesiomorfia) ou derivada (apomorfia).

A homologia ancestral (plesiomorfia) é “primitiva”, mais antiga.

Uma homologia derivada (apomorfia) é mais recente.

Por exemplo, a presença de pulmão é uma plesiomorfia do rato. O pulmão já estava presente em um ancestral mais antigo, que originou lagartixa e rato. A presença de pelo é uma apomorfia de rato: é um caráter que surgiu no grupo dos ratos, não estava presente em ancestral anterior a ele.

ANEXOS

ANEXO A

Sugestão de leitura 1

- Texto retirado da coleção “Ser Protagonista”, do autor André Catani, Volume 2, 3ª edição, 2016, Pág. 17.

Sistemática Moderna - Árvores Filogenéticas

FERRAMENTAS DA CIÊNCIA

Representando o parentesco evolutivo

As relações de parentesco evolutivo entre os seres vivos – também chamadas de filogenias – podem ser expressas por meio de diagramas, como as **árvores filogenéticas**.

Em uma árvore filogenética, parte-se de uma “raiz”, que se ramifica em vários ramos (imagem abaixo). A extremidade de cada ramo representa um táxon (espécie, gênero, família, etc.). Já os pontos de ramificação – chamados **nós** – representam os ancestrais hipotéticos compartilhados entre dois ou mais táxons. Os nós também representam o momento de separação entre duas linhagens – se os táxons forem espécies, serão eventos de especiação.

Árvore filogenética mostrando as relações de parentesco evolutivo entre quatro táxons (A, B, C e D). Note que o ancestral desses quatro táxons (nó 1) é mais antigo do que o ancestral que deu origem aos táxons B, C e D (nó 2), que por sua vez é mais antigo do que o ancestral que deu origem aos táxons C e D (nó 3).

Para entender as relações expressas em uma árvore filogenética, é importante observar onde está cada nó em relação à raiz, pois isso informa quais táxons são mais antigos e quais são mais recentes. Os ramos que saem de nós mais próximos da raiz são mais antigos do que aqueles que saem de nós mais distantes da raiz. Assim, na árvore filogenética mostrada acima, temos que A é um táxon mais antigo que os táxons B, C e D, por exemplo. Isso não significa, porém, que A seja ancestral de B, C e D – o ancestral desses três táxons é representado pelo nó 2.

Outro ponto importante é observar quais ramos saem de cada nó, pois isso informa quais táxons são mais aparentados entre si. Continuando com o mesmo exemplo, os táxons C e D são mais próximos evolutivamente, pois compartilham um ancestral comum exclusivo, que é representado pelo nó 3. Já os táxons B e C, por sua vez, não compartilham um ancestral comum exclusivo (o nó 2 também é comum a D).

Equívocos comuns ao ler uma árvore filogenética

1. As relações de parentesco entre os táxons seguem um padrão ramificado, como o de uma árvore; logo, um táxon não dá origem a outro em uma árvore filogenética.

2. Os táxons representados do lado direito de uma árvore filogenética não são mais “avançados” ou “evoluídos” do que os que estão do lado esquerdo.

3. Os ramos que saem de cada nó de uma árvore filogenética podem “girar”, sendo arbitrária a escolha de qual deles será representado do lado esquerdo ou direito. Assim, as árvores filogenéticas mostradas abaixo são equivalentes.

Fonte de pesquisa das imagens: Understanding Evolution. Disponível em: <http://evolution.berkeley.edu/evolibrary/article/evo_07>. Acesso em: 11 jan. 2016.

1. Com base na árvore filogenética acima, assinale verdadeiro (V) ou falso (F) para as seguintes afirmações:

- O ramo que deu origem ao táxon B é tão antigo quanto aquele que deu origem aos táxons C e D.
- Os táxons A e B são mais aparentados entre si, pois ambos estão lado a lado na árvore filogenética.
- O táxon B deu origem aos táxons C e D, uma vez que ele surgiu primeiro na história evolutiva desse grupo.

Sugestão de leitura 2

- Texto extraído e compilado do Material Apostilado intitulado “Noções Básicas de Sistemática Filogenética de Sônia Lopes e Fanly Fungyi, disponível no endereço: https://midia.atp.usp.br/impressos/lic/modulo03/diversidade_biologica_filogenia_PLC0019/Bio_Filogenia_top04.pdf, Acesso em: 22/02/2019

4.1 Introdução

Como estudamos nos tópicos anteriores, todos os organismos vivos e fósseis descendem de um único ancestral comum. Todos evoluíram através de um processo de **descendência com modificação**, dando origem às milhares de formas hoje existentes.

No Tópico 1 foi apresentado como a humanidade historicamente tentou organizar e classificar esta incrível diversidade de animais, plantas, fungos e micro-organismos. Neste tópico, discutiremos como se deu o desenvolvimento das técnicas modernas de reconstrução filogenética, sua utilização para classificação e quais os principais fundamentos teóricos e metodológicos para sua prática.

4.2 Escolas de classificação baseadas em princípios evolutivos

Há duas escolas principais que se pautam no princípio evolutivo central de **descendência com modificação**: a evolutiva e a filogenética ou cladística.

Ambas partem de um aspecto simples, porém fundamental: organismos com relação de parentesco próxima são mais semelhantes que organismos com relação de parentesco relativamente mais distante. Isto porque parentes próximos tendem a herdar características que estavam presentes em um ancestral em comum. É fácil notar como irmãos parecem mais entre si do que quando comparados com outros parentes mais distantes ou outras pessoas.

Essas escolas divergem, no entanto, no modo como interpretam as relações de parentesco.

Na escola evolutiva, foi partindo desta simples observação que foram desenvolvidas classificações buscando simplesmente agrupar organismos semelhantes que reflitam o maior ou menor grau de parentesco. Para tal, os pesquisadores procuraram observar **caracteres** que pudessem de alguma forma auxiliar na identificação dos seres mais aparentados, observando peculiaridades ou traços discretos nos organismos como, por exemplo, estruturas, morfologia, citologia, embriologia, etc. É importante notar dois aspectos principais neste tipo de escola de classificação evolutiva. O primeiro é que as decisões sobre quais caracteres são importantes ou não é feita sem nenhum método objetivo e replicável (aspecto este fundamental em qualquer disciplina científica), e o segundo é que ela não permite a utilização de muitos caracteres simultaneamente.

O fato da escolha da importância dos caracteres ser relativamente arbitrária, dependendo do pesquisador ou dela ser mais evidente e fácil de analisar, tornou-se subsequentemente uma questão central na biologia, pois eles não necessariamente poderiam refletir as proximidades de parentesco. Todos os caracteres têm a mesma importância? Se não, quais caracteres devem ser utilizados em sistemas de classificação?

Estas questões só começaram a ser resolvidas com o desenvolvimento, do conceito de **homologia**. O curador do Museu de História Natural de Londres, **Richard Owen**, foi um dos grandes responsáveis pelo desenvolvimento desse conceito. Ele argumentava que existiam tantas semelhanças entre os membros anteriores de diferentes animais vertebrados como a nadadeira de uma foca e a mão de um ser humano, que as estruturas deveriam ser derivadas de uma única estrutura presente no ancestral comum de todos aqueles animais. Este conceito

entrelaça de maneira elegante e definitiva as observações provenientes da anatomia comparada com o pensamento evolutivo que começava a se desenvolver ao final do século 19. Este grande desenvolvimento intelectual resolve a primeira das questões: quais caracteres devem ser utilizados ao fazer reconstruções evolutivas? Os caracteres homólogos, por refletirem ancestralidade comum e, portanto, herdabilidade de caracteres, são os melhores candidatos para a reconstrução evolutiva.

No entanto, ainda resta um problema de ordem prática. Como determinar quais caracteres são homólogos? Que método deve ser utilizado para que possamos, de maneira objetiva e replicável, diferenciar os caracteres homólogos?

Por muito tempo, não existiam métodos analíticos para determinar a validade dos caracteres homólogos e eram consideradas racionalizações discursivas, ou seja, autoridades no assunto estudavam os diversos caracteres a fim de determinar a partir de sua opinião quais deveriam ser utilizados para reconstrução evolutiva e/ou classificação. No entanto, nas décadas de 1950 e 1960, o entomólogo alemão **Willi Hennig** propôs uma teoria capaz de lidar com todos os caracteres gerados pelos morfologistas de uma vez só, e ainda determinar através de um meio analítico quais seriam homólogos. Sua abordagem, hoje conhecida como **cladística** ou **sistemática filogenética**, revolucionou o campo da sistemática. Atualmente, a técnica é utilizada não somente para reconstruções históricas de parentesco entre os organismos, mas também como ferramenta preditiva em estudos epidemiológicos (maiores detalhes sobre isso será tratado ao final do tópico).

Na sistemática filogenética, entende-se que um caráter, eventualmente, poderá ser modificado na descendência, passando a se apresentar com variações, que serão subsequentemente, herdadas nas próximas gerações. Desta maneira, o caráter está presente no ancestral exclusivo de todos os herdeiros, e também em todos os herdeiros, mas nestes com uma modificação ou variação. Essa nova variação ou novo estado do caráter é considerado uma condição derivada, ou seja, surgiu a partir da modificação no estado do caráter previamente presente na linhagem ancestral. A condição derivada tem o potencial de servir como determinante para definir um novo grupo e é chamada **apomorfia** (do grego *apó* = longe de; *morphē* = forma) no paradigma moderno. Uma apomorfia pode ser exclusiva de apenas um grupo, sendo chamada nesse caso de **autapomorfia** (do grego *autos* = (eu) mesmo; *morphē* = forma), ou compartilhada por dois ou mais grupos, chamada **sinapomorfia** (do grego *synapsis* = ação de juntar; *morphē* = forma).

Há, no entanto, casos em que o caráter é herdado sem modificação, falando-se em estado **plesiomórfico** (do grego *plesios* = vizinho, significando próximo; *morphé* = forma) e não serve para definir um novo grupo. Quando esse estado plesiomórfico é compartilhado por mais de um agrupamento é chamado **simplesiomórfico**.

As **analogias**, ou seja, caracteres semelhantes que surgem em linhagens não aparentadas, devem ser discriminadas nas análises filogenéticas, pois elas podem gerar interpretações errôneas sobre relações de parentesco entre grupos de organismos. Esses caracteres análogos devem ser identificados para evitar que equivocadamente sejam usados para unir grupos não relacionados. Caracteres análogos são interpretados na filogenética como um tipo de **homoplasia** (do grego *homós* = semelhante, igual; *plásis* = ação de modelar, dar feição): semelhança estrutural decorrente de paralelismo ou convergência evolutiva, e não de ancestralidade comum.

Outro tipo de homoplasia que deve ser identificado nas análises filogenéticas é a perda, condição bastante comum na evolução. Vários caracteres são perdidos na evolução e precisamos saber se a ausência de um caráter na linhagem em estudo se deve a uma perda evolutiva (ou seja, o caráter estava presente no ancestral e foi perdido) ou se realmente aquele caráter nunca esteve presente na linhagem ancestral.

A diferenciação de todos esses tipos de condições é feita na sistemática filogenética com base em uma metodologia própria.

4.3 O método filogenético

Na sistemática filogenética, os caracteres de interesse são os apomórficos: derivados de um estado ancestral.

A questão restante, no entanto, é como diagnosticar quais caracteres são **apomórficos**. É importante que exista um método objetivo e replicável para a determinação destes caracteres, pois estas são necessidades em estudos científicos.

A abordagem de Willi Hennig se diferenciava de outras contemporâneas, pois buscava realizar a inferência histórica de maneira puramente lógica e científica. As principais linhas-guia de seu método são:

1. As relações entre espécies são **estritamente genealógicas**, ou seja, verticais;
2. As **apomorfias** são o único tipo de evidência que identifica; **ancestralidade em comum** e são elas que definem novos agrupamentos;
3. A máxima conformidade com a evidência deve ser determinada utilizando-se o **princípio auxiliar da parcimônia**.

Dentre os três princípios gerais, apenas os dois primeiros são baseados no conhecimento biológico. O terceiro princípio é evocado da disciplina da filosofia lógica para ajudar a resolver questões em que a evidência em mãos aponta várias possibilidades de resposta. O princípio da parcimônia, também conhecido como “a navalha de Occam”, é enunciado da seguinte maneira: “Se em tudo o mais forem idênticas as explicações, a mais simples é a melhor”. Em termos filogenéticos, a explicação mais simples de relação filogenética entre os organismos é aquela que assume o menor número de **passos evolutivos**, ou seja, o menor número de mudanças de estado dos caracteres. Desta maneira, os cientistas se utilizam de métodos especiais para calcular qual árvore possui o menor número de passos. Estes métodos são em geral executados por programas de computador, mas em alguns casos, pode-se executar até mesmo de maneira manual.

Interpretando uma árvore filogenética

As árvores filogenéticas são representadas seguindo-se uma série de convenções. Observe na **Figura 4.1** uma árvore generalizada.

Os **terminais** (A, B, C, D) representam as entidades de estudo. A entidade de estudo pode ser um indivíduo, populações ou até mesmo espécies inteiras em um único terminal. As linhas que saem dos terminais representam os **ramos**. Os ramos podem conectar um terminal à outro por um **nó** (como D a C pelo nó x), ou um nó à outro mais abaixo (como x a y para os terminais B, C e D).

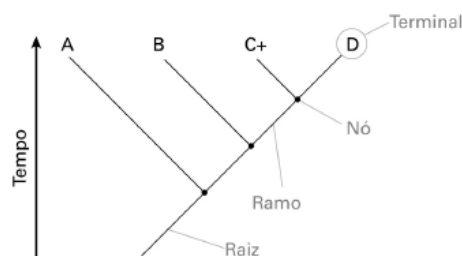


Figura 4.1: Representação de uma árvore filogenética do tipo cladograma, com as convenções indicadas / Fonte: Cepa

Os nós representam ancestrais hipotéticos. No exemplo, o nó x representa o ancestral hipotético de C e D. O nó y representa o ancestral hipotético da linhagem representada por C + D e da linhagem representada por B.

É muito importante frisar que os nós são sempre hipotéticos, e não representam fósseis. Um fóssil, quando encontrado, é um elemento conhecido na análise. Será representado por um terminal na convenção de estudos filogenéticos (note que C possui uma adaga, representando que é um indivíduo ou linhagem fóssil).

O último nó (z) designa a inserção da raiz, que é uma representação hipotética da mais antiga linhagem do grupo.

O termo técnico utilizado para denominar todo tipo de árvore filogenética é **dendrograma**. Um elemento, nem sempre representado, porém sempre implícito, é a direção do tempo. Em todo tipo de representação em forma de árvore filogenética, **a ordem de ramificação** representa o momento de isolamento das linhagens, umas em relação às outras.

Na raiz está representado o evento evolutivo mais antigo, e os terminais representam eventos recentes.

Em dendrogramas do tipo **cladograma**, os comprimentos relativos dos ramos não representam unidades de tempo (veja as representações A, B e C na **Figura 4.2**).

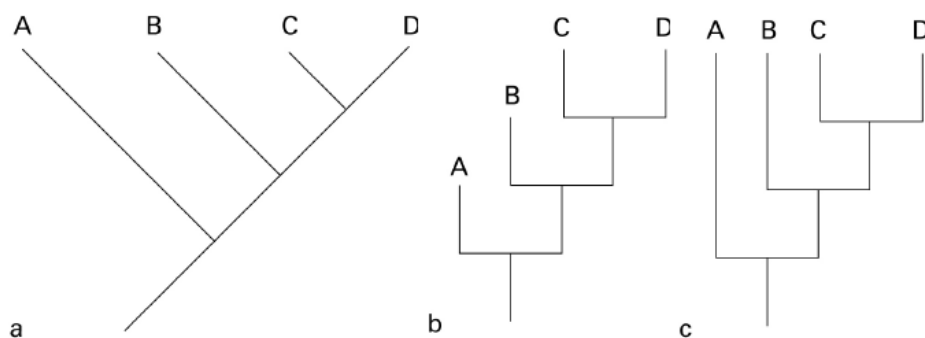


Figura 4.2: Representações de cladogramas

As representações A, B e C nos dizem a mesma coisa em questão de relação entre os terminais. No caso da representação B, no entanto, os ramos estão mais quadrados (uma modificação puramente estética do que está em A), e na C, a única diferença é que os ramos foram alongados para alinhar os terminais no topo (novamente, uma modificação estética de A e B), o que pode ser feito já que os comprimentos relativos não possuem significado temporal.

As apomorfias, principalmente em estudos morfológicos, podem estar indicadas em uma árvore.

Veja no exemplo abaixo que o grupo C+D é unificado pela apomorfia 1, o grupo B+C+D é unificado pela apomorfia 2 e assim por diante.

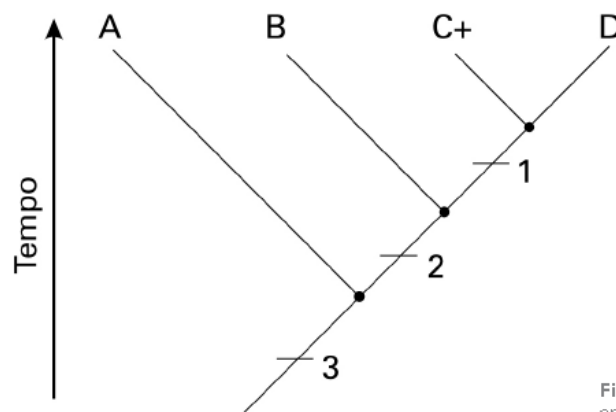


Figura 4.5: Cladograma com as apomorfias indicadas

Os grupos unificados por apomorfias são denominados **monofiléticos** (do grego *monos* = único; *filético* = refere-se à linhagem), pois contêm em uma única linhagem um ancestral e inclui todos os seus descendentes. Desta maneira, C+D compõem um grupo monofilético definido pela apomorfia 1. Do mesmo modo, B + o ramo que inclui (C+D) é monofilético, definindo pela apomorfia 2.

No entanto, agrupamentos que excluem uma das linhagens descendentes, são chamados **parafiléticos** (do grego *para* = ao lado de; *filético* = refere-se à linhagem). Por exemplo, se considerarmos apenas as linhagens B+C, elas são parafiléticas, pois excluimos a linhagem D. Se o grupo excluir mais de uma das linhagens descendentes, como por exemplo, o grupamento A+C exclui tanto B quanto D, é denominado **polifilético** (do grego *polys* = muito; *filético* = refere-se à linhagem).

No paradigma estabelecido por Willi Hennig, somente os grupos **monofiléticos** devem ser considerados naturais.

Grupos que compartilham o mesmo nó exclusivo são chamados grupos-irmãos. Assim, C e D são grupos irmãos, pois compartilham exclusivamente um nó. Por sua vez, B é grupo irmão do conjunto formado pelos grupos (B+C), pois também compartilham um nó exclusivo.

Sugestão de leitura 3

- Texto retirado da coleção “Biologia em Contexto” dos autores Amabis e Martho, Volume 3, 1º edição, 2016, Pág. 15 a 17.

ANEXO B

ROTEIRO DE AULA PRÁTICA 1 CONSTRUÇÃO DA HISTÓRIA EVOLUTIVA DE ORGANISMOS HIPOTÉTICOS

1. Definição

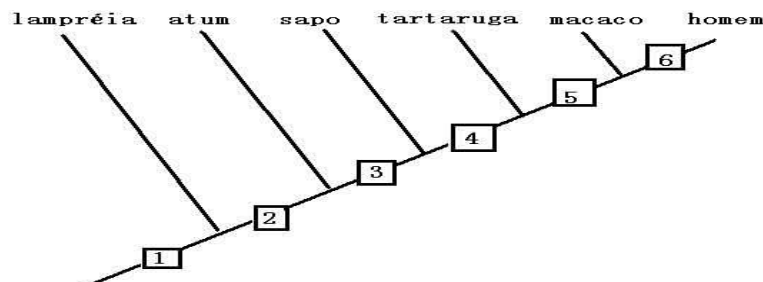
Cladogramas são representações gráficas das relações e da evolução dos seres vivos de um determinado grupo. Podem baseia-se nas características morfológicas, fisiológicas, como também, em suas relações evolutivas.

2. Passo a passo de como montar um cladograma:

2.1-Antes de montar o cladograma é importante visualizar as diferenças e semelhanças entre as espécies analisadas, bem como a sua relação evolutiva. Para tanto, convém montar uma tabela com o nome dos seres e suas respectivas características;

2.2-Feita a tabela os dados devem ser analisados para que a estrutura do cladograma possa ser estudada.

2.3-Depois que todos os resultados forem encontrados pode-se começar a fazer o cladograma. O modelo é o que se encontra abaixo:

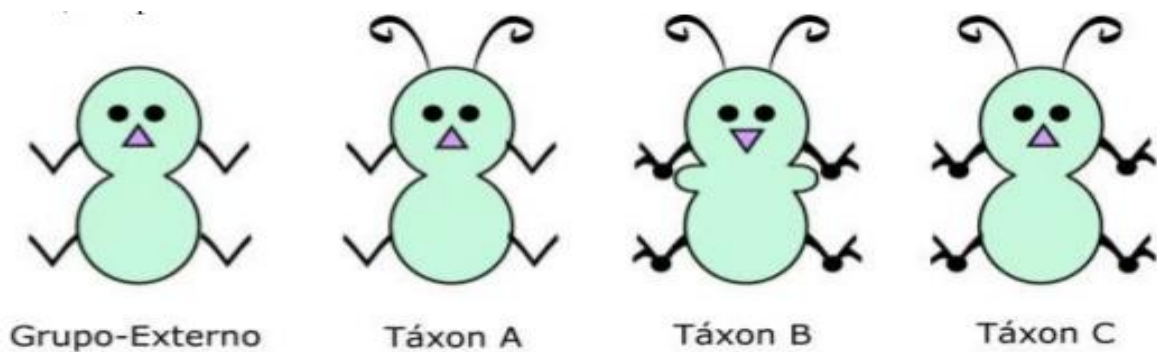


2.4-A próxima etapa é a mais importante e talvez uma das mais complicadas: é a hora de preencher o cladograma com os seres e as suas características. Para isso é importante levar em consideração a ordem do modelo acima com o nome da espécie no fim das retas paralelas e a característica em questão nos “nós”. A ordem de colocação das características também é importante. Da direita para a esquerda devem ser colocadas as mais comuns, presentes em todas as espécies que estão a sua esquerda. Usando o modelo acima podemos dizer que o número 1 representará uma característica ou um traço biológico que esteja presente em todos os seres

citados. No número 2, uma das características presentes em todos menos na lampréia, e assim sucessivamente.

3. Atividade Prática

Faça uma análise cladística dos organismos abaixo. Inicie com um levantamento dos caracteres que variam entre eles (os estados); codifique os caracteres usando o número (0) para carácter plesiomórfico e o número (1) para carácter apomórfico. Monte uma matriz de polaridade dos caracteres; utilizando por base o grupo-externo, tente construir o cladograma



mais parcimonioso.

Exemplo de Matriz de polaridade dos caracteres para construção do cladograma

Táxon/Caracteres	1	2	3	4
A				
B				
C				
GE (Grupo Externo)				

Grupo-irmão.

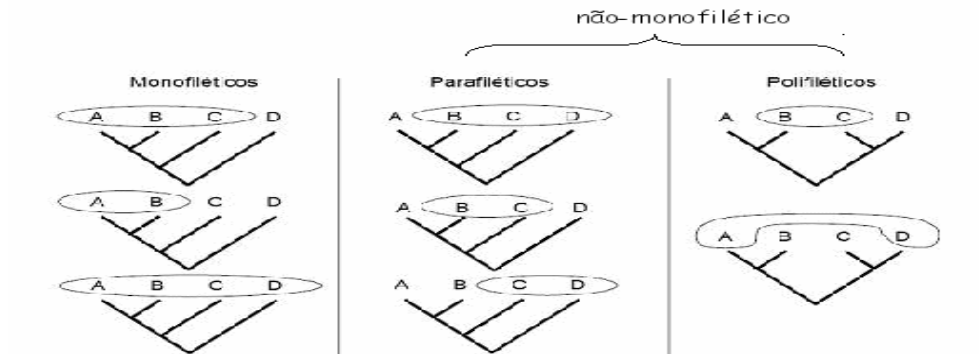
-Grupo irmão: grupos (táxons) que compartilham um ancestral comum mais recente são chamados de grupos irmãos.

Grupos monofiléticos e não-monofiléticos

- Grupo **Monofilético**: inclui todos (e somente) os descendentes do ancestral comum mais recente

➤ **Grupo Não Monofilético:**

- Não inclui todos os descendentes do ancestral comum mais recente (**parafiletico**)
- Não inclui o ancestral comum mais recente e todos os seus descendentes (**polifilético**)



Caracteres

- Nos cladogramas, os caracteres são marcados como traços nos ramos onde eles surgiram, seguidos de um número, ou letra, ou descrição.
- No cladograma abaixo, célula eucariota, tecidos, crânio, pulmões e pelo são caracteres, marcados com traço vermelho.



- As relações de parentesco mostradas em um cladograma são estabelecidas em função das homologias (caracteres homólogos).
- Uma **homologia** é um caráter compartilhado entre duas ou mais espécies que estava presente em seu ancestral comum (mesma origem).
- Cada caráter indicado no cladograma abaixo é um caráter homólogo dos descendentes de um dado ancestral.
- Por exemplo, os pulmões de lagartixas e ratos são homólogos; as células eucariotas de fungo, mariposa, peixe, lagartixa e rato, são homólogas; o crânio de peixe, lagartixa e rato é homólogo.

Homologia

Uma homologia pode ser ancestral (**plesiomorfia**) ou derivada (**apomorfia**).

A homologia ancestral (plesiomorfia) é “primitiva”, mais antiga.

Uma homologia derivada (apomorfia) é mais recente.

Por exemplo, a presença de pulmão é uma plesiomorfia do rato. O pulmão já estava presente em um ancestral mais antigo, que originou lagartixa e rato. A presença de pelo é uma apomorfia de rato: é um caráter que surgiu no grupo dos ratos, não estava presente em ancestral anterior a ele.

ANOTAÇÕES

ROTEIRO DE AULA PRÁTICA 2

CONSTRUÇÃO DA HISTÓRIA EVOLUTIVA DE ORGANISMOS HIPOTÉTICOS

1. Definição

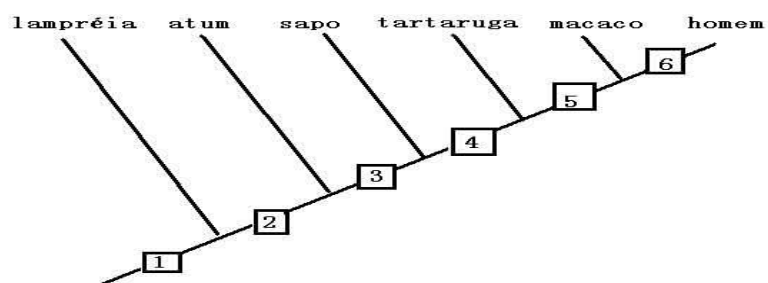
Cladogramas são representações gráficas das relações e da evolução dos seres vivos de um determinado grupo. Podem basear-se nas características morfológicas, fisiológicas, como também, em suas relações evolutivas.

2. Passo a passo de como montar um cladograma:

2.1-Antes de montar o cladograma é importante visualizar as diferenças e semelhanças entre as espécies analisadas, bem como a sua relação evolutiva. Para tanto, convém montar uma tabela com o nome dos seres e suas respectivas características;

2.2-Feita a tabela os dados devem ser analisados para que a estrutura do cladograma possa ser estudada.

2.3-Depois que todos os resultados forem encontrados pode-se começar a fazer o cladograma. O modelo é o que se encontra abaixo:

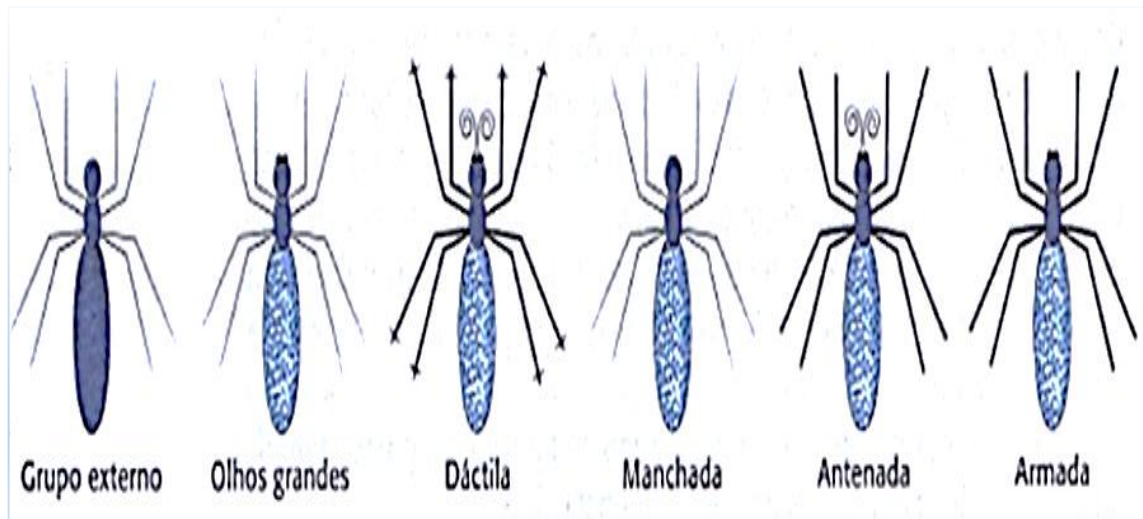


2.4-A próxima etapa é a mais importante e talvez uma das mais complicadas: é a hora de preencher o cladograma com os seres e as suas características. Para isso é importante levar em consideração a ordem do modelo acima com o nome da espécie no fim das retas paralelas e a característica em questão nos “nós”. A ordem de colocação das características também é importante. Da direita para a esquerda devem ser colocadas as mais comuns, presentes em todas as espécies que estão a sua esquerda. Usando o modelo acima podemos dizer que o número 1 representará uma característica ou um traço biológico que esteja presente em todos os seres

citados. No número 2, uma das características presentes em todos menos na lampréia, e assim sucessivamente.

3. Atividade Prática

Faça uma análise cladística dos organismos abaixo. Inicie com um levantamento dos caracteres que variam entre eles (os estados); codifique os caracteres usando o número (0) para carácter plesiomórfico e o número (1) para carácter apomórfico. Monte uma matriz de polaridade dos caracteres; utilizando por base o grupo-externo, tente construir o cladograma mais parcimonioso.



Exemplo de Matriz de polaridade dos caracteres para construção do cladograma

Táxon/Caracteres	1	2	3	4
GE (Grupo externo)				
Olhos Grandes				
Dáctila				
Manchada				
Antenada				
Armada				

Grupo-irmão.

-Grupo irmão: grupos (táxons) que compartilham um ancestral comum mais recente são chamados de grupos irmãos.

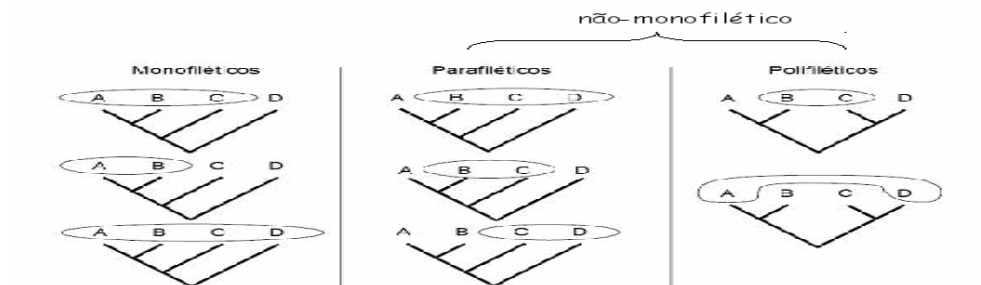
Grupos monofiléticos e não-monofiléticos

➤ Grupo **Monofilético**: inclui todos (e somente) os descendentes do ancestral comum mais recente

➤ **Grupo Não Monofilético**:

-Não inclui todos os descendentes do ancestral comum mais recente (**parafiletico**)

-Não inclui o ancestral comum mais recente e todos os seus descendentes (**polifilético**)



Caracteres

-Nos cladogramas, os caracteres são marcados como traços nos ramos onde eles surgiram, seguidos de um número, ou letra, ou descrição.

-No cladograma abaixo, célula eucariota, tecidos, crânio, pulmões e pelo são caracteres, marcados com traço vermelho.



- As relações de parentesco mostradas em um cladograma são estabelecidas em função das homologias (caracteres homólogos).

- Uma **homologia** é um caráter compartilhado entre duas ou mais espécies que estava presente em seu ancestral comum (mesma origem).
- Cada caráter indicado no cladograma abaixo é um caráter homólogo dos descendentes de um dado ancestral.
- Por exemplo, os pulmões de lagartixas e ratos são homólogos; as células eucariotas de fungo, mariposa, peixe, lagartixa e rato, são homólogas; o crânio de peixe, lagartixa e rato é homólogo.

Homologia

Uma homologia pode ser ancestral (**plesiomorfia**) ou derivada (**apomorfia**).

A homologia ancestral (plesiomorfia) é “primitiva”, mais antiga.

Uma homologia derivada (apomorfia) é mais recente.

Por exemplo, a presença de pulmão é uma plesiomorfia do rato. O pulmão já estava presente em um ancestral mais antigo, que originou lagartixa e rato. A presença de pelo é uma apomorfia de rato: é um caráter que surgiu no grupo dos ratos, não estava presente em ancestral anterior a ele.

ANOTAÇÕES

ROTEIRO DE AULA PRÁTICA 3

CONSTRUÇÃO DA HISTÓRIA EVOLUTIVA DE ORGANISMOS HIPOTÉTICOS

1. Definição

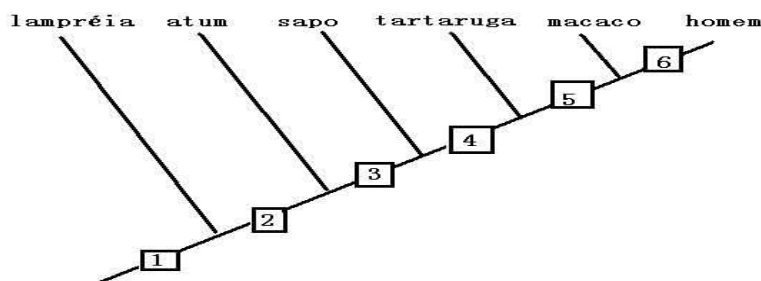
Cladogramas são representações gráficas das relações e da evolução dos seres vivos de um determinado grupo. Podem basear-se nas características morfológicas, fisiológicas, como também, em suas relações evolutivas.

2. Passo a passo de como montar um cladograma:

2.1-Antes de montar o cladograma é importante visualizar as diferenças e semelhanças entre as espécies analisadas, bem como a sua relação evolutiva. Para tanto, convém montar uma tabela com o nome dos seres e suas respectivas características;

2.2-Feita a tabela os dados devem ser analisados para que a estrutura do cladograma possa ser estudada.

2.3-Depois que todos os resultados forem encontrados pode-se começar a fazer o cladograma. O modelo é o que se encontra abaixo:

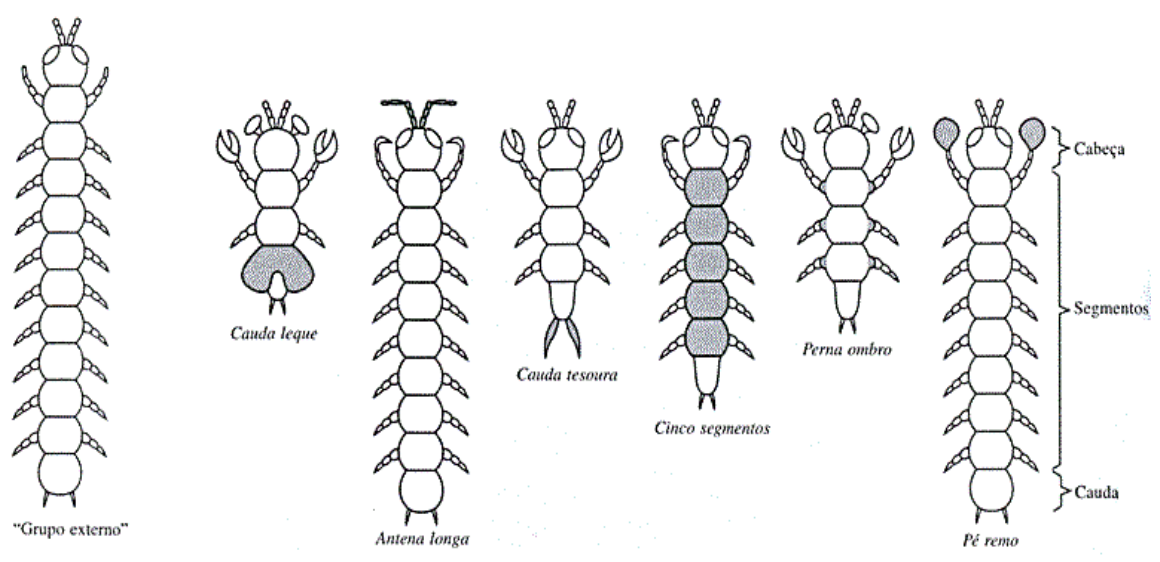


2.4-A próxima etapa é a mais importante e talvez uma das mais complicadas: é a hora de preencher o cladograma com os seres e as suas características. Para isso é importante levar em consideração a ordem do modelo acima com o nome da espécie no fim das retas paralelas e a característica em questão nos “nós”. A ordem de colocação das características também é importante. Da direita para a esquerda devem ser colocadas as mais comuns, presentes em todas as espécies que estão a sua esquerda. Usando o modelo acima podemos dizer que o número 1 representará uma característica ou um traço biológico que esteja presente em todos os seres

citados. No número 2, uma das características presentes em todos menos na lampréia, e assim sucessivamente.

3. Atividade Prática

Faça uma análise cladística dos organismos abaixo. Inicie com um levantamento dos caracteres que variam entre eles (os estados); codifique os caracteres usando o número (0) para carácter plesiomórfico e o número (1) para carácter apomórfico. Monte uma matriz de polaridade dos caracteres; utilizando por base o grupo-externo, tente construir o cladograma mais parcimonioso.



Exemplo de Matriz de polaridade dos caracteres para construção do cladograma

Táxon/Caracteres	1	2	3	4
GE (Grupo externo)				
Cauda leque				
Antena longa				
Cauda tesoura				
Cinco segmentos				
Perna ombro				
Pé remo				

Grupo-irmão.

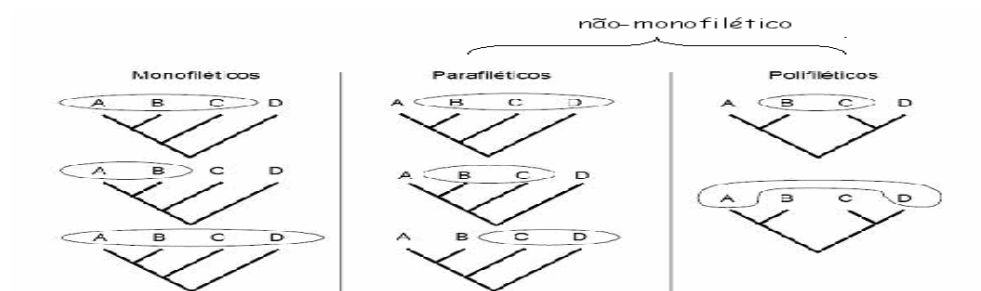
-Grupo irmão: grupos (táxons) que compartilham um ancestral comum mais recente são chamados de grupos irmãos.

Grupos monofiléticos e não-monofiléticos

- Grupo **Monofilético**: inclui todos (e somente) os descendentes do ancestral comum mais recente
- **Grupo Não Monofilético**:

-Não inclui todos os descendentes do ancestral comum mais recente (**parafilético**)

-Não inclui o ancestral comum mais recente e todos os seus descendentes (**polifilético**)



Caracteres

-Nos cladogramas, os caracteres são marcados como traços nos ramos onde eles surgiram, seguidos de um número, ou letra, ou descrição.

-No cladograma abaixo, célula eucariota, tecidos, crânio, pulmões e pelo são caracteres, marcados com traço vermelho.



- As relações de parentesco mostradas em um cladograma são estabelecidas em função das homologias (caracteres homólogos).

- Uma **homologia** é um caráter compartilhado entre duas ou mais espécies que estava presente em seu ancestral comum (mesma origem).

- Cada caráter indicado no cladograma abaixo é um caráter homólogo dos descendentes de um dado ancestral.
- Por exemplo, os pulmões de lagartixas e ratos são homólogos; as células eucariotas de fungo, mariposa, peixe, lagartixa e rato, são homólogas; o crânio de peixe, lagartixa e rato é homólogo.

Homologia

Uma homologia pode ser ancestral (**plesiomorfia**) ou derivada (**apomorfia**).

A homologia ancestral (plesiomorfia) é “primitiva”, mais antiga.

Uma homologia derivada (apomorfia) é mais recente.

Por exemplo, a presença de pulmão é uma plesiomorfia do rato. O pulmão já estava presente em um ancestral mais antigo, que originou lagartixa e rato. A presença de pelo é uma apomorfia de rato: é um caráter que surgiu no grupo dos ratos, não estava presente em ancestral anterior a ele.

ANOTAÇÕES

ROTEIRO DE AULA PRÁTICA 4

CONSTRUÇÃO DA HISTÓRIA EVOLUTIVA DE ORGANISMOS HIPOTÉTICOS

1. Definição

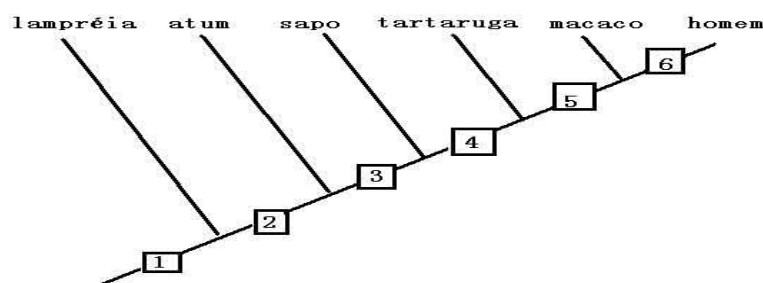
Cladogramas são representações gráficas das relações e da evolução dos seres vivos de um determinado grupo. Podem basear-se nas características morfológicas, fisiológicas, como também, em suas relações evolutivas.

2. Passo a passo de como montar um cladograma:

2.1-Antes de montar o cladograma é importante visualizar as diferenças e semelhanças entre as espécies analisadas, bem como a sua relação evolutiva. Para tanto, convém montar uma tabela com o nome dos seres e suas respectivas características;

2.2-Feita a tabela os dados devem ser analisados para que a estrutura do cladograma possa ser estudada.

2.3-Depois que todos os resultados forem encontrados pode-se começar a fazer o cladograma. O modelo é o que se encontra abaixo:

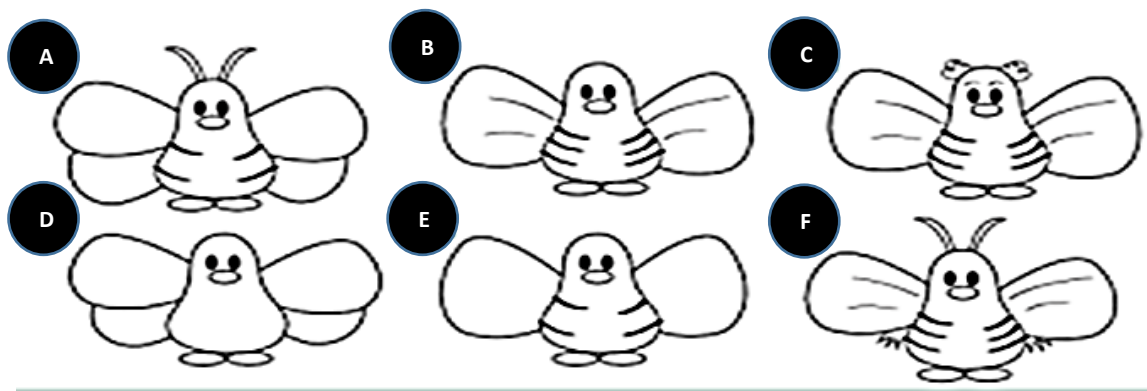


2.4-A próxima etapa é a mais importante e talvez uma das mais complicadas: é a hora de preencher o cladograma com os seres e as suas características. Para isso é importante levar em consideração a ordem do modelo acima com o nome da espécie no fim das retas paralelas e a característica em questão nos “nós”. A ordem de colocação das características também é importante. Da direita para a esquerda devem ser colocadas as mais comuns, presentes em todas as espécies que estão a sua esquerda. Usando o modelo acima podemos dizer que o número 1 representará uma característica ou um traço biológico que esteja presente em todos os seres

citados. No número 2, uma das características presentes em todos menos na lampréia, e assim sucessivamente.

3. Atividade Prática

Faça uma análise cladística dos organismos abaixo. Inicie com um levantamento dos caracteres que variam entre eles (os estados); codifique os caracteres usando o número (0) para carácter plesiomórfico e o número (1) para carácter apomórfico. Monte uma matriz de polaridade dos caracteres; utilizando por base o grupo-externo (**Táxon E**), tente construir o cladograma mais parcimonioso.



Exemplo de Matriz de polaridade dos caracteres para construção do Cladograma

Táxon/Caracteres	1	2	3	4
GE (Grupo externo)				
Táxon A				
Táxon B				
Táxon C				
Táxon D				
Táxon E (GE)				

Grupo-irmão.

-Grupo irmão: grupos (táxons) que compartilham um ancestral comum mais recente são chamados de grupos irmãos.

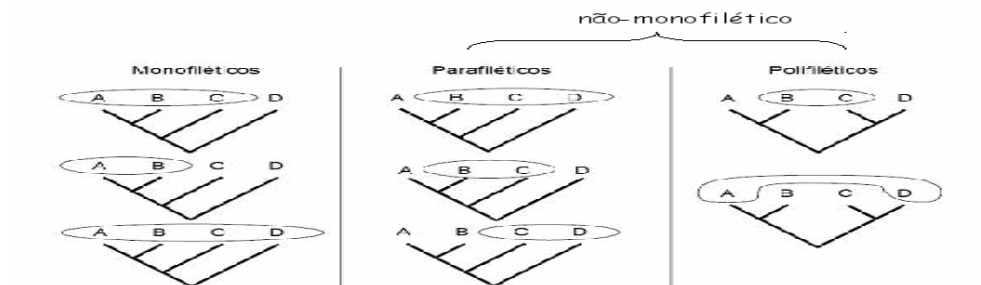
Grupos monofiléticos e não-monofiléticos

➤ Grupo **Monofilético**: inclui todos (e somente) os descendentes do ancestral comum mais recente

➤ **Grupo Não Monofilético**:

-Não inclui todos os descendentes do ancestral comum mais recente (**parafilético**)

-Não inclui o ancestral comum mais recente e todos os seus descendentes (**polifilético**)



Caracteres

-Nos cladogramas, os caracteres são marcados como traços nos ramos onde eles surgiram, seguidos de um número, ou letra, ou descrição.

-No cladograma abaixo, célula eucariota, tecidos, crânio, pulmões e pelo são caracteres, marcados com traço vermelho.



- As relações de parentesco mostradas em um cladograma são estabelecidas em função das homologias (caracteres homólogos).

- Uma **homologia** é um caráter compartilhado entre duas ou mais espécies que estava presente em seu ancestral comum (mesma origem).
- Cada caráter indicado no cladograma abaixo é um caráter homólogo dos descendentes de um dado ancestral.
- Por exemplo, os pulmões de lagartixas e ratos são homólogos; as células eucariotas de fungo, mariposa, peixe, lagartixa e rato, são homólogas; o crânio de peixe, lagartixa e rato é homólogo.

Homologia

Uma homologia pode ser ancestral (**plesiomorfia**) ou derivada (**apomorfia**).

A homologia ancestral (plesiomorfia) é “primitiva”, mais antiga.

Uma homologia derivada (apomorfia) é mais recente.

Por exemplo, a presença de pulmão é uma plesiomorfia do rato. O pulmão já estava presente em um ancestral mais antigo, que originou lagartixa e rato. A presença de pelo é uma apomorfia de rato: é um caráter que surgiu no grupo dos ratos, não estava presente em ancestral anterior a ele.

ANOTAÇÕES

ROTEIRO DE AULA PRÁTICA 5

CONSTRUÇÃO DA HISTÓRIA EVOLUTIVA DE ORGANISMOS HIPOTÉTICOS

1. Definição

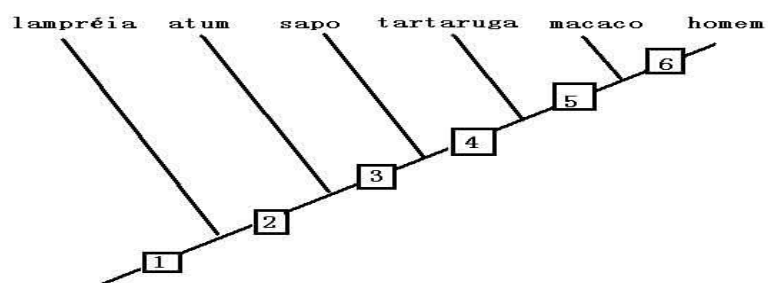
Cladogramas são representações gráficas das relações e da evolução dos seres vivos de um determinado grupo. Podem basear-se nas características morfológicas, fisiológicas, como também, em suas relações evolutivas.

2. Passo a passo de como montar um cladograma:

2.1-Antes de montar o cladograma é importante visualizar as diferenças e semelhanças entre as espécies analisadas, bem como a sua relação evolutiva. Para tanto, convém montar uma tabela com o nome dos seres e suas respectivas características;

2.2-Feita a tabela os dados devem ser analisados para que a estrutura do cladograma possa ser estudada.

2.3-Depois que todos os resultados forem encontrados pode-se começar a fazer o cladograma. O modelo é o que se encontra abaixo:

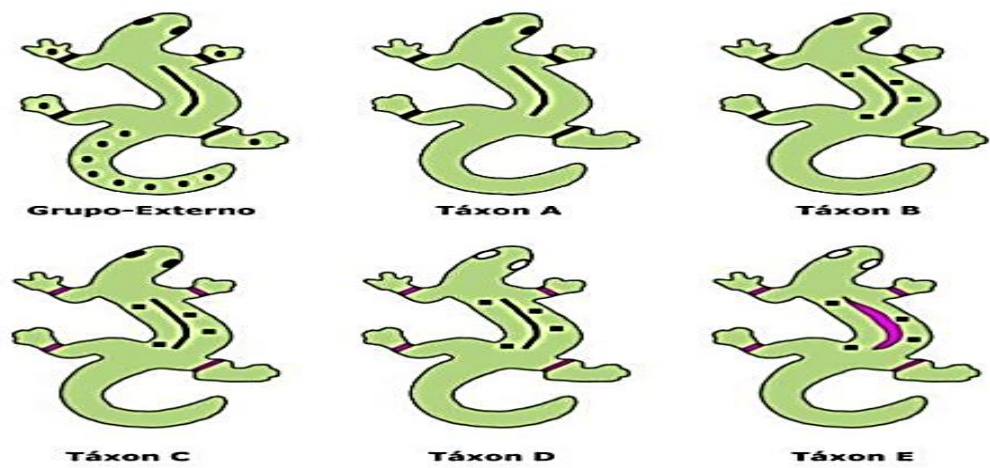


2.4-A próxima etapa é a mais importante e talvez uma das mais complicadas: é a hora de preencher o cladograma com os seres e as suas características. Para isso é importante levar em consideração a ordem do modelo acima com o nome da espécie no fim das retas paralelas e a característica em questão nos “nós”. A ordem de colocação das características também é importante. Da direita para a esquerda devem ser colocadas as mais comuns, presentes em todas as espécies que estão a sua esquerda. Usando o modelo acima podemos dizer que o número 1 representará uma característica ou um traço biológico que esteja presente em todos os seres

citados. No número 2, uma das características presentes em todos menos na lampréia, e assim sucessivamente.

3. **Atividade Prática**

Faça uma análise cladística dos organismos abaixo. Inicie com um levantamento dos caracteres que variam entre eles (os estados); codifique os caracteres usando o número (0) para carácter plesiomórfico e o número (1) para carácter apomórfico. Monte uma matriz de polaridade dos caracteres; utilizando por base o grupo-externo, tente construir o cladograma mais parcimonioso.



Exemplo de Matriz de polaridade dos caracteres para construção do cladograma

Táxon/Caracteres	1	2	3	4
GE (Grupo externo)				
Táxon A				
Táxon B				
Táxon C				
Táxon D				
Táxon E				

Grupo-irmão.

-Grupo irmão: grupos (táxons) que compartilham um ancestral comum mais recente são chamados de grupos irmãos.

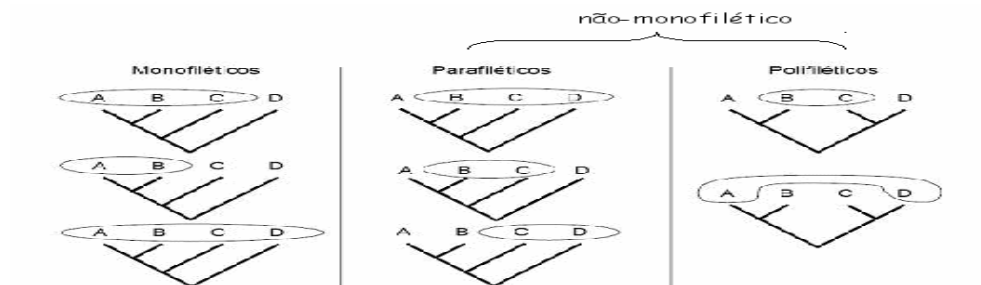
Grupos monofiléticos e não-monofiléticos

➤ Grupo **Monofilético**: inclui todos (e somente) os descendentes do ancestral comum mais recente

➤ **Grupo Não Monofilético**:

-Não inclui todos os descendentes do ancestral comum mais recente (**parafilético**)

-Não inclui o ancestral comum mais recente e todos os seus descendentes (**polifilético**)



Caracteres

-Nos cladogramas, os caracteres são marcados como traços nos ramos onde eles surgiram, seguidos de um número, ou letra, ou descrição.

-No cladograma abaixo, célula eucariota, tecidos, crânio, pulmões e pelo são caracteres, marcados com traço vermelho.



- As relações de parentesco mostradas em um cladograma são estabelecidas em função das homologias (caracteres homólogos).

- Uma **homologia** é um caráter compartilhado entre duas ou mais espécies que estava presente em seu ancestral comum (mesma origem).
- Cada caráter indicado no cladograma abaixo é um caráter homólogo dos descendentes de um dado ancestral.
- Por exemplo, os pulmões de lagartixas e ratos são homólogos; as células eucariotas de fungo, mariposa, peixe, lagartixa e rato, são homólogas; o crânio de peixe, lagartixa e rato é homólogo.

Homologia

Uma homologia pode ser ancestral (**plesiomorfia**) ou derivada (**apomorfia**).

A homologia ancestral (plesiomorfia) é “primitiva”, mais antiga.

Uma homologia derivada (apomorfia) é mais recente.

Por exemplo, a presença de pulmão é uma plesiomorfia do rato. O pulmão já estava presente em um ancestral mais antigo, que originou lagartixa e rato. A presença de pelo é uma apomorfia de rato: é um caráter que surgiu no grupo dos ratos, não estava presente em ancestral anterior a ele.

ANOTAÇÕES