

# Pandemia da COVID-19: a evolução sob nossos olhos

**Luís Bizzo**

Universidade do Vale do Itajaí e Centro Universitário - Católica de Santa Catarina em Joinville, Itajaí, SC

Autor para correspondência - [bizzo@univali.br](mailto:bizzo@univali.br); [luisbizzo@yahoo.com.br](mailto:luisbizzo@yahoo.com.br)

**Palavras-chave:** ensino de evolução, coronavírus, genética de populações, contextualização, ensino de genética, fatores evolutivos



A compreensão da evolução biológica implica reconhecer que as populações estão continuamente em mudança e que existem diferentes forças atuando sobre elas. Este ensaio discute como a atual pandemia de COVID-19 e as constantes descobertas sobre o vírus SARS-CoV-2 possibilitam ao professor apresentar conceitos da biologia evolutiva de maneira interessante e contextualizada no cotidiano dos estudantes.

## Algumas questões sobre o ensino de evolução

A evolução é reconhecida como um eixo integrador no desenvolvimento do pensamento biológico. Apesar disso, tem sido trabalhada com nossos estudantes de maneira pontual, restrita a um pequeno espaço do calendário escolar, geralmente ao final do terceiro ano do Ensino Médio. Essa fragmentação de conteúdos diminui as oportunidades para que os estudantes reconheçam e estabeleçam relações entre os processos evolutivos presentes em todas as subáreas da Biologia.

Além disso, ao estudar os conteúdos de evolução é comum que os estudantes sejam apresentados apenas aos exemplos clássicos e bem documentados, descritos em organismos modelo e presentes nos livros didáticos. Alguns exemplos são: a variação dos bicos dos tentilhões de Galápagos, o mimetismo das borboletas monarca e a seleção de alelos para anemia falciforme, geralmente apresentados sem a discussão dos vários fatores evolutivos atuantes em cada caso. É uma pena que muitas vezes exames em larga escala, como o ENEM e os vestibulares, limitem-se a esses mesmos exemplos na elaboração de questões de evolução que se reduzem à simples memorização de uma história, sem necessariamente envolver a compreensão do processo evolutivo.

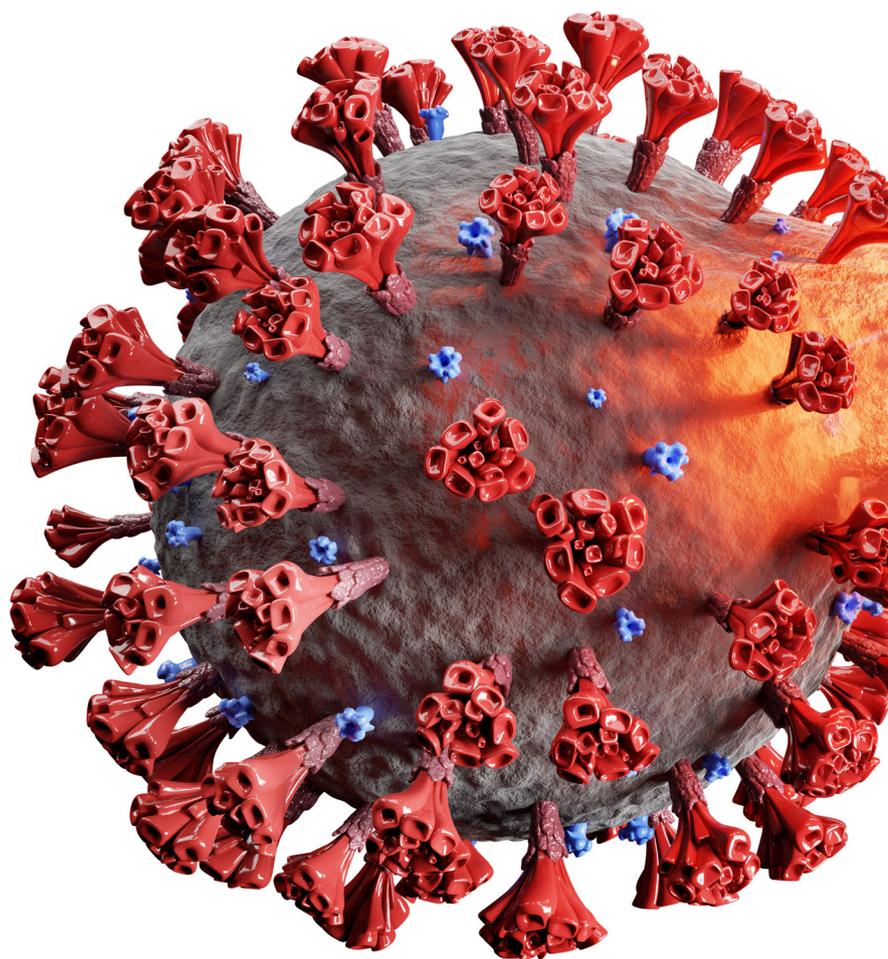
Desta forma, também a problematização e a contextualização dos processos evolutivos são prejudicadas, pois ficam restritas à apresentação de exemplos em organismos modelo. Este tipo de abordagem não abre portas a questionamentos, e pouco contribui para o desenvolvimento do pensamento científico.

Este ensaio é fruto da reflexão sobre os questionamentos apresentados por estudantes do quinto semestre de Ciências Biológicas durante o segundo semestre de 2020. Apesar de ter sido baseada em experiência no ensino superior, a atividade é aqui relatada de forma direcionada ao ensino médio.

## SARS-CoV-2 como possibilidade para o ensino de Evolução

A atual pandemia do vírus SARS-CoV-2, causador da COVID-19, e seus desdobramentos sociais, políticos, econômicos e na saúde pública têm suscitado polêmicas em diversas disciplinas. As novas descobertas sobre o vírus, tratamentos e vacinas podem ser bons motivos para despertar questionamentos dos estudantes, os quais serão respondidos a partir dos conhecimentos de diferentes campos da Biologia.

O presente trabalho pretende evidenciar a oportunidade de trabalhar o conteúdo de evolução de maneira integrada e contextualizada, partindo do interesse dos estudantes, observando e discutindo o processo evolutivo que acontece no dia a dia.

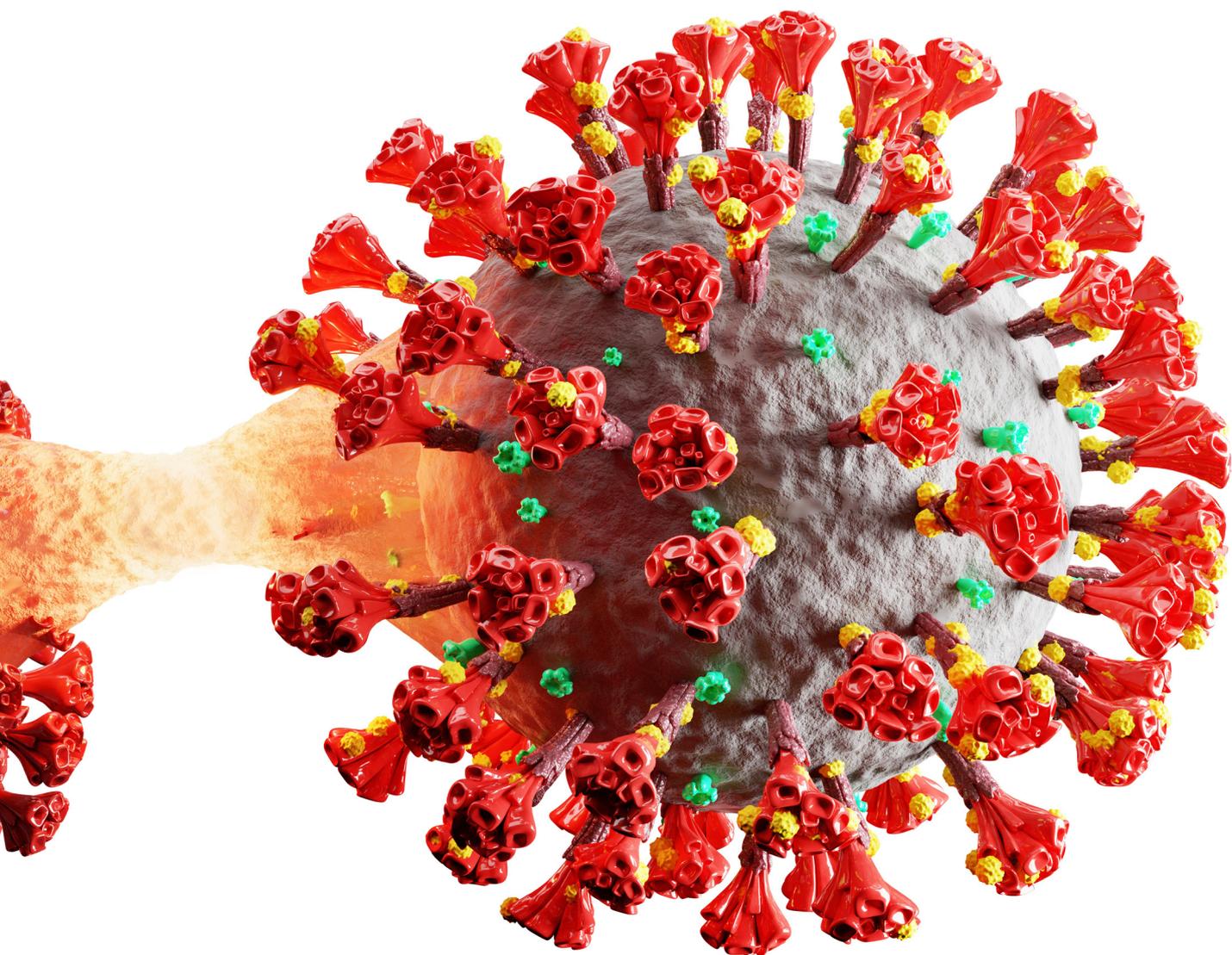


Além de possibilitar discussões sobre o processo evolutivo, o desenrolar dos acontecimentos relacionados à pandemia permite também compreender o desenvolvimento do pensamento científico. É possível observar, a partir das informações diárias, como os cientistas conduzem suas investigações e que tipo de perguntas fazem.

Cada nova notícia e descoberta pode levar a novas indagações, e muitas vezes são feitas previsões de possíveis cenários. Assim, a pergunta do cientista é também a nossa pergunta: Como apareceu esse vírus? Por que alguns países apresentam taxas maiores de mortalidade? Será que determinada variante

viral é mais ou menos agressiva ou contagiosa? Quando todos forem vacinados, o vírus será extinto?

As perguntas são inúmeras, mas o mais importante é mostrar aos estudantes que a ciência se faz a partir de questionamentos, que levam a previsões; não de modo aleatório, mas a partir dos conhecimentos previamente elaborados por uma comunidade científica, que se vale de situações similares e modelos teóricos. Os pesquisadores então testam essas previsões e as confirmam ou refutam, e a sociedade toma suas decisões baseada nos resultados desses estudos científicos, ao menos na maior parte das vezes.



Este tipo de exercício também pode ser realizado pelos estudantes, ao analisarem em retrospectiva se os cenários teóricos expostos por cientistas, jornalistas, *youtubers*, *podcasters*, influenciadores digitais ou pela própria turma se confirmaram ou não; a discussão sobre as razões para esse resultado pode ser um interessante exercício do pensamento científico.

Sabemos que há muitos desafios no ensino de evolução, mas há também boas possibilidades. Os conflitos religiosos sobre a origem do homem, a dificuldade na compreensão do tempo geológico, a perspectiva de que evolução seja sinônimo de melhoria ou progresso e que ocorra em ao longo da vida dos indivíduos (e não ao longo de gerações em populações) são alguns dos principais desafios a serem superados no ensino de evolução. Por outro lado, o estudo do processo evolutivo de vírus e bactérias é uma excelente perspectiva para o desenvolvimento do pensamento biológico: por não envolver conflitos religiosos, a evolução de um vírus ou bactéria é mais facilmente “aceitável” do que a evolução da espécie humana, por exemplo; a ideia de uma população de vírus é intuitiva e o processo evolutivo viral ocorre tão rápido que não é necessário recorrer à compreensão do conceito abstrato de tempo geológico.

Assim, o estudo dos fatores evolutivos tomando como modelo o vírus SARS-CoV-2 pode ser bastante efetivo para a apresentação, contextualização e problematização de conceitos fundamentais para a compreensão do processo de evolução biológica.

## E por que ninguém pensou nisso antes?

Ora, não é bem assim; exemplos de evolução em microrganismos são comuns em livros técnicos. Talvez não por acaso, dois dos principais livros-texto de biologia evolutiva (ver item Para Saber Mais) iniciam sua exposição com o exemplo do vírus da imunodeficiência humana (HIV), expondo como a biologia evolutiva foi central para a compreensão do

vírus e o desenvolvimento de drogas.

O modelo viral do HIV é particularmente importante para o ensino de evolução porque reúne algumas características que despertam interesse:

- ♦ apresenta grande importância e debate na saúde pública;
- ♦ é amplamente conhecido pelo público em geral;
- ♦ alastrou-se (e foi notícia) pelo mundo a partir da década de 1980;
- ♦ desenvolve resistência a drogas com rapidez.

No entanto, embora seja um modelo excepcionalmente bom para o estudo de evolução viral, o HIV não desperta mais tanta curiosidade nos jovens; já é comum, literalmente uma discussão do século passado.

## SARS-CoV-2 e os fatores evolutivos

Desde T. Dobzhansky entendemos a evolução como a alteração das frequências alélicas das populações com o passar das gerações. Os processos que provocam essa mudança são denominados fatores evolutivos: mutação, seleção natural, migração e deriva genética. Assim, para a compreensão do processo evolutivo os estudantes devem, além de compreender o funcionamento de cada um dos fatores evolutivos, identificar a ação desses processos, não só ao longo do tempo, mas também no contexto à sua volta. As dinâmicas de populações virais podem iluminar processos de mutação, seleção e deriva. O fato de serem populações que se reproduzem de modo assexual implica que os achados podem ter diferenças em relação a organismos sexuais, mas muitos dos processos evolutivos podem ser estudados de modo produtivo.

Assim como o HIV, os coronavírus (entre eles o SARS-CoV-2) possuem como material genético o RNA e apresentam algumas características que os tornam particularmente interessantes para o estudo do processo evolutivo: populações imensas pois são bi-



lhões de cópias do vírus em um único hospedeiro, com grande poder de replicação, isto é, centenas de milhares de cópias em poucas horas, e alta taxa de mutação, porque o RNA é mais instável e sua taxa de mutação é milhares de vezes maior que do DNA). A possibilidade de usar o número de pessoas infectadas em um dado momento como referência para o tamanho populacional é mais um facilitador para a compreensão dos estudantes. Mesmo que seja uma noção bastante imprecisa, pois não existe esta contagem e parte do pressuposto de que todos os infectados apresentam a mesma carga viral, mesmo assim, para os jovens urbanos, ainda é mais palpável que imaginar pragas em uma lavoura, por exemplo.

Com certeza, nem todos os conceitos importantes do conteúdo de evolução podem ser tratados a partir dos vírus, mas a potencialidade do estudo do SARS-CoV-2 para a compreensão dos fatores evolutivos é inegável. As notícias diárias trazem o assunto para o contexto dos alunos, instigando-os a conhecer melhor as relações que podem ser estabelecidas entre a pandemia e a evolução do vírus.

No quadro a seguir são apresentados os fatores evolutivos seguidos de conceitos e abordagens que podem ser tratados a partir do estudo do SARS-CoV-2. A última coluna traz sugestões de perguntas para promover a discussão sobre o assunto.

Fator Evolutivo	Conceitos abordados	Algumas questões para discussão
<p><b>Mutação</b></p>	<p><b>Taxas de mutação</b>                      Comparação do material genético viral (RNA) e humano (DNA). A taxa de mutação dos vírus de RNA é milhares de vezes maior do que a dos eucariotos</p> <p><b>Aleatoriedade das mutações</b>                      Mutações surgem ao acaso, e não por necessidade                      Alguns pontos do genoma apresentam maior taxa de mutação do que outros (<i>hotspots</i> mutacionais)</p> <p><b>Mutações e alterações fenotípicas</b>                      Possíveis efeitos das novas variantes na transmissibilidade do vírus (neutro, deletério ou vantajoso)</p> <p><b>Mutações convergentes</b>                      Surgimento independente das mesmas variantes virais</p>	<p>Por que este vírus de RNA apresenta taxa de mutação maior que a do DNA humano?</p> <p>Como a alta taxa de mutação do vírus influencia no seu combate pelo sistema imunológico dos hospedeiros?</p> <p>Por que o aumento do número de pessoas infectadas é um fator preocupante para o surgimento de novas variantes virais?</p> <p>Existe a possibilidade de que tenhamos campanhas anuais de vacinação contra o SARS-CoV-2? Por que isso seria necessário?</p> <p>Por que estão surgindo novas variantes do SARS-CoV-2?</p> <p>Existem mais variantes virais do que as já detectadas?</p> <p>As novas variantes genéticas são vantajosas aos vírus?</p> <p>As novas variantes de impacto na transmissibilidade/virulência ocorreram em locais específicos do genoma viral?</p> <p>Que locais do genoma viral tem potencial para gerar variantes preocupantes para os humanos?</p> <p>A recombinação pode ser reconhecida como um fator evolutivo para os vírus?</p> <p>Considerando o tamanho do genoma viral e sua taxa de mutação, a ocorrência de mutações convergentes é um fenômeno provável neste vírus?</p>
<p><b>Migração</b></p>	<p><b>Efeito homogeneizador nas populações virais</b>                      Trânsito de pessoas entre diferentes locais, portando as mesmas ou diferentes variantes virais</p> <p>Efeitos de medidas restrição de locomoção para diminuição do fluxo gênico, como a restrição de tráfego aéreo</p>	<p>Por que mesmo países com muitas pessoas infectadas impediram a entrada de viajantes?</p> <p>Como a testagem realizada nas fronteiras pode contribuir para a redução da variabilidade genética viral?</p> <p>Como o <i>lockdown</i> pode contribuir para a diminuição da mobilidade das variantes virais?</p>



<p><b>Seleção</b></p>	<p><b>Tipos de seleção: positiva/negativa ou direcional, estabilizadora, disruptiva e adaptação</b> Possíveis efeitos da virulência (agressividade do vírus) sobre sua transmissibilidade</p> <p>Suscetibilidade de diferentes populações humanas ao vírus</p> <p>Efeitos do uso de antibióticos sobre bactérias e fungos</p> <p>Aumento da frequência de variantes resistentes a drogas antivirais</p> <p><b>Evolução convergente</b> Variantes com as mesmas características em populações de origem distinta</p>	<p>Que características/mutações seriam vantajosas para o vírus?</p> <p>Que condições ambientais estão agindo no processo de seleção do vírus?</p> <p>Quais destas condições ambientais podemos controlar?</p> <p>Que regiões do genoma viral podem estar sob maior pressão seletiva?</p> <p>Existem evidências de que algumas populações humanas são geneticamente mais suscetíveis ao SARS-CoV-2?</p> <p>Por que algumas variantes do SARS-CoV-2 espalharam-se pelo mundo e outras não?</p> <p>Por que diversos países impediram a entrada de viajantes de algumas localidades, mas de outras não?</p> <p>Qual o efeito esperado do uso indiscriminado de antibióticos (no combate do SARS-CoV-2) sobre bactérias?</p> <p>Que efeito indesejado pode ocorrer com o uso de antivirais?</p> <p>A ocorrência de evolução convergente é um fenômeno provável neste vírus?</p>
<p><b>Deriva Genética</b></p>	<p><b>Alterações aleatórias das frequências gênicas</b> Importância da Deriva Genética em populações pequenas</p> <p><b>Efeito do fundador</b> Infecção de novos hospedeiros</p> <p>Chegada da primeira pessoa contaminada a uma localidade</p> <p><b>Efeito gargalo de garrafa</b> Possíveis efeitos da redução drástica e ao acaso da população viral</p>	<p>As frequências das variantes virais são iguais em todas as populações humanas?</p> <p>Como explicar o aumento ou diminuição de frequência de algumas variantes virais, de igual transmissibilidade e virulência?</p> <p>Como o <i>lockdown</i> pode contribuir para a diminuição do número de pessoas infectadas?</p> <p>Por que o número de variantes do SARS-CoV-2 tem aumentado com o tempo e o aumento da populacional viral?</p> <p>Uma pessoa infectada pode portar mais de uma variante viral?</p> <p>Qual deve ser o efeito da redução populacional do vírus sobre a frequência de suas variantes, principalmente as menos comuns?</p>

Além de poder ser estudado o efeito de cada fator evolutivo separadamente, estes também podem ser analisados de modo integrado, compondo um cenário mais complexo e próximo à realidade. Neste sentido, é comum analisar a interação entre dois ou mais fatores evolutivos: mutação e seleção natural, mutação e deriva genética, seleção natural e migração, seleção natural e deriva genética. Este tipo de comparação traz a importante lição da aleatoriedade do processo evolutivo.

Existem diversas possibilidades de condução de discussões em aula sobre este assunto. Um exemplo é o surgimento da variante delta do SARS-CoV-2, que está se espalhando

pelo mundo e em muitos locais já é a cepa dominante do vírus. Sua transmissibilidade e virulência são diferentes da variante alfa, assim como a proteção das vacinas já produzidas. Outros pontos, além dos já apresentados no quadro, também poderiam ser suscitados, como a própria denominação das variantes (a variante gama já foi chamada de P.1 e, inicialmente, de “variante de Manaus”) e seu impacto social.

Certamente, muitas indagações que surgirem ficarão em aberto. A análise da evolução do HIV (o capítulo 1 de FREEMAN e HERRON, 2009 é uma referência sucinta aos professores) fornece uma comparação com caso similar.



Professores que desejarem investigar profundamente outras vertentes da biologia evolutiva também têm amplo espaço. Diversos tópicos podem ser explorados, como o efeito da ligação gênica, genealogias de genes, relógio molecular e especiação, entre outros.

A adoção do SARS-CoV-2 como modelo do processo evolutivo pode ser utilizado por professores tanto para contextualização de conceitos já trabalhados em aula quanto para uma problematização inicial. É uma excelente oportunidade para que os estudantes reconheçam o surgimento e a detecção de novas variantes, sua frequência nas populações e possível seleção natural. Ou seja, a evolução ocorrendo sob os nossos olhos.

## Para saber mais

FIOCRUZ - Fundação Oswaldo Cruz. Disponível em <<https://portal.fiocruz.br/>>

FREEMAN S.; HERRON, J. C. *Análise Evolutiva*. 4a edição. Porto Alegre: Artmed, 2009.

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

OPAS - Organização Pan-Americana de Saúde. Disponível em <<https://www.paho.org/pt/covid19>>

Pesquisa FAPESP. Disponível em <<https://revista-pesquisa.fapesp.br/>>

