

UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
DEPARTAMENTO DE CIÊNCIAS DA NATUREZA, MATEMÁTICA E EDUCAÇÃO

Veronica Gabriele da Silva

**Modelagem computacional no ensino de evolução: a
Catraca de Muller como ferramenta didática
investigativa**

Araras, 2025

VERONICA GABRIELE DA SILVA

Modelagem computacional no ensino de evolução: a Catraca de Muller como ferramenta didática investigativa

Trabalho de conclusão de curso apresentado ao Departamento Ciências da Natureza, Matemática e Educação da Universidade Federal de São Carlos, para obtenção do Título de Licenciado em Ciências Biológicas.

Orientador: Alexandre Colato

Araras - SP
2025

Silva, Veronica Gabriele da

Modelagem computacional no ensino de evolução:: a
Catraca de Muller como ferramenta didática
investigativa / Veronica Gabriele da Silva -- 2025.
44f.

TCC (Graduação) - Universidade Federal de São Carlos,
campus Araras, Araras

Orientador (a): Alexandre Colato

Banca Examinadora: Isabela Custodio Talora Bozzini,
Helka Fabbri Broggian Ozelo

Bibliografia

1. Genética. 2. Modelagem Computacional. 3. Catraca de
Muller. I. Silva, Veronica Gabriele da. II. Título.

Ficha catalográfica desenvolvida pela Secretaria Geral de Informática
(SIn)

DADOS FORNECIDOS PELO AUTOR

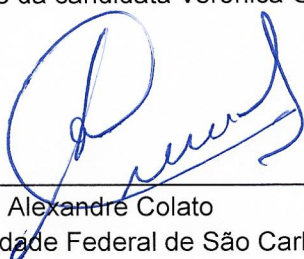
Bibliotecário responsável: Maria Helena Sachi do Amaral - CRB/8
7083

UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS

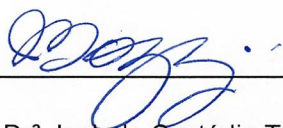
Centro de Ciências Agrárias

Folha de aprovação

Assinatura dos membros da comissão examinadora que avaliou e aprovou o Trabalho de Conclusão de Curso da candidata Veronica Gabriele da Silva, realizada em 10/12/2025:



Prof. Dr. Alexandre Colato
Universidade Federal de São Carlos



Profª. Drª. Isabela Custódio Talora Bozzini
Universidade Federal de São Carlos



Profª. Drª. Helka Fabbri Broggian Ozelo
Universidade Federal de São Carlos

AGRADECIMENTO

Chegar ao final desta jornada é mais do que concluir uma etapa acadêmica; é fechar um ciclo de transformação, crescimento e descobertas, que levarei para a vida toda. E nenhuma linha escrita nesta monografia seria possível sem o amparo e a colaboração de pessoas incríveis, a quem dedico minha eterna gratidão.

A Deus, pela luz que iluminou meus passos mesmo nos dias mais nebulosos. Pela força que encontrei na fé quando a disposição se esvaía, e pela bênção constante de seguir em frente, sustentado por uma graça maior que guia meus caminhos.

À Universidade, por oferecer um ensino de excelência e por ter se tornado meu espaço de crescimento intelectual, humano e profissional. Cada aula, cada experiência e cada desafio acadêmico contribuíram para a formação que hoje levo comigo com orgulho. Obrigado por ser mais do que uma instituição, mas sim um espaço de liberdade intelectual e de busca incessante pelo conhecimento que transforma realidades. A todos os professores que fizeram parte da minha trajetória universitária, cada um, à sua maneira, deixou marcas profundas no meu percurso. Obrigada por compartilharem conhecimento, por me inspirarem e por me conduzirem até aqui com dedicação, rigor e sensibilidade.

Aos meus pais, que sempre acreditaram no poder transformador da educação. Obrigada por me incentivarem a estudar. Às minhas irmãs e a toda a minha família, que estiveram ao meu lado nos momentos bons e nos difíceis, oferecendo carinho, força e pertencimento, obrigado por tornarem a vida mais leve e por me lembrarem sempre de onde eu vim e para onde posso ir.

Ao meu namorado, por ser um parceiro constante nessa jornada. Obrigada por ser meu apoio quando o caminho parecia pesado, por celebrar comigo cada pequena vitória, por acreditar em mim até quando eu mesma hesitei. Seu incentivo e sua presença tornaram tudo mais leve. Esta vitória é nossa!

Aos meus amigos, que fizeram a caminhada mais divertida e suportável. Cada conversa, cada estudo compartilhado e cada risada tornaram a jornada universitária única. Foi um prazer dividir essa etapa da vida com vocês.

Ao meu orientador, Professor Alexandre Colato, por toda orientação, pela paciência, pela disponibilidade e pela confiança depositada em mim, tanto no TCC, quanto durante a Iniciação Científica. Sua contribuição foi essencial para a construção deste trabalho e para o meu crescimento acadêmico. Muito obrigado por acreditar no meu projeto e por me guiar com tanta dedicação.

E, por fim, a minha mãe, Vera Lucia. Mãe, embora meus olhos não possam mais te ver, meu coração sente a sua presença em cada conquista, em cada passo que dou. Sei que do céu você está olhando por mim, com um sorriso orgulhoso que sempre foi meu maior prêmio. Esta monografia é dedicada a você, que me ensinou com seu exemplo o verdadeiro significado de resiliência e amor incondicional. Obrigado por ser minha eterna inspiração. Espero, de coração, que você esteja, de fato, muito orgulhosa. A todos, meu eterno e mais sincero obrigado.

"Palavras são, na minha nada humilde opinião, nossa inesgotável fonte de magia."

Alvo Dumbledore

(Personagem da coleção Harry Potter)

RESUMO

O ensino da teoria da evolução costuma enfrentar desafios como o grande número de conceitos e a natureza abstrata dos mesmos. Pensando nisso, esse trabalho propõe uma abordagem usando a modelagem computacional como ferramenta para entender o funcionamento da Catraca de Muller, que é um processo de acúmulo de mutações deletérias em populações assexuadas. A pesquisa, de natureza qualitativa, baseou-se na criação de um modelo computacional, inicialmente em Python e mais tarde adaptado para o uso na plataforma Insight Maker, onde é possível realizar simulação e observar como os diferentes parâmetros, como taxa de mutação e pressão seletiva influenciam no processo evolutivo, confirmando a teoria da Catraca de Muller.

Esse trabalho também traz uma proposta didática baseada no ensino por investigação, na qual o aluno é protagonista no processo de formular hipóteses e analisar evidências. Espera-se que, ao combinar o uso da modelagem computacional com o ensino por investigação, haja promoção da alfabetização científica e o pensamento crítico dos estudantes seja estimulado.

Palavras-chave: Ensino de evolução; Modelagem Computacional; Catraca de Muller; Ensino por Investigação; Insight Maker; Ensino de Biologia.

ABSTRACT

The teaching of evolutionary theory often faces challenges such as the large number of concepts involved and their abstract nature. With this in mind, this work proposes an approach that uses computational modeling as a tool to understand the functioning of Muller's Ratchet, which is a process of accumulating deleterious mutations in asexual populations. This qualitative research was based on the creation of a computational model, initially developed in Python and later adapted for use on the Insight Maker platform, where simulations can be run to observe how different parameters—such as mutation rate and selective pressure—influence the evolutionary process, confirming the theory of Muller's Ratchet.

This work also presents a didactic proposal based on inquiry-based teaching, in which students take an active role in formulating hypotheses and analyzing evidence. It is expected that, by combining computational modeling with inquiry-based instruction, scientific literacy will be promoted and students' critical thinking will be stimulated.

Keywords: Evolution teaching; Computational Modeling; Muller's Ratchet; Inquiry-Based Teaching; Insight Maker; Biology Teaching.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 - Página inicial da plataforma Insight Maker.....	17
Figura 2 - Evolução com baixa taxa de mutação.....	23
Figura 3 - Evolução com alta taxa de mutação.....	24
Figura 4 - Efeito do tamanho reduzido da população	25
Figura 5 - Efeito da População Grande na Evolução.....	25
Figura 6 - Efeito do Número Reduzido de Gerações	26
Figura 7 - Efeito do Número Elevado de Gerações.....	27
Figura 8 - Evolução com Fator Seletivo Baixo.....	28
Figura 9 - Evolução com Fator Seletivo Alto.....	28
Figura 10 - Modelo Esquemático no Insight Maker.....	30
Figura 11 - Simulação com $S = 0,1$ e $U = 0,5$;	30
Figura 12 - Simulação com $S = 0,9$ e $U = 0,5$	31
Figura 13 - Simulação com $S = 0,1$ e $U = 0,9$	32

Sumário

1.INTRODUÇÃO.....	9
2.OBJETIVOS.....	12
2.1 Gerais.....	12
2.2 Específicos.....	12
3.DESENVOLVIMENTO.....	13
3.1 A evolução no ensino de ciências.....	13
3.2 A Catraca de Muller como conteúdo didático.....	14
3.3 Ensino por investigação: princípios e potencialidades.....	14
3.4 Modelagem computacional no ensino de Biologia.....	16
3.5 O Insight Maker como ferramenta de simulação e ensino.....	17
3.6 A aplicação do Insight Maker em sala de aula.....	17
4.METODOLOGIA.....	20
5.RESULTADOS.....	23
5.1 Resultados do Insight maker.....	29
6.DISSCUSSÃO.....	33
7.CONCLUSÃO.....	35
8.REFERÊNCIAS.....	37
ANEXOS.....	39

1.INTRODUÇÃO

O ensino da teoria da evolução tem papel central e de muita importância na formação em Ciências Biológicas, e de todos os estudantes, uma vez que “a evolução é um conceito chave na compreensão das ciências da vida...”(Pegaroro et al., 2016). Isso ocorre tanto pela importância conceitual quanto pelos desafios pedagógicos que sua compreensão representa.

A evolução biológica é um processo que envolve modificações nas populações ao longo do tempo, impulsionadas por mecanismos como mutação, seleção natural, deriva genética e migração. Segundo Mark Ridley (2006, p. 28), "evolução significa mudança na forma e no comportamento dos organismos ao longo das gerações". Essa definição ressalta o caráter dinâmico do processo evolutivo, evidenciando que tais mudanças não ocorrem de uma hora para outra, mas de modo gradual e cumulativo, sempre em interação com o ambiente.

A teoria da evolução passou por diversas reformulações ao longo do tempo, desde as primeiras ideias de Lamarck, que associavam a adaptação à necessidade e ao uso ou desuso dos órgãos (Freire-Maia, 1990), até a formulação científica proposta por Charles Darwin, e posteriormente com a Síntese Moderna, também conhecida como Neodarwinismo. Após observar espécies com características adaptativas distintas nas Ilhas Galápagos, Darwin propôs que a evolução ocorria por meio da seleção natural, na qual variações hereditárias influenciam o sucesso reprodutivo dos organismos, favorecendo os mais adaptados. Essas ideias foram consolidadas com a publicação de *A Origem das Espécies* em 1859, e posteriormente fortalecidas pela redescoberta dos trabalhos de Mendel (Ridley, 2006).

A nova abordagem integrou mutações, que são alterações no DNA que podem gerar características novas nos seres vivos; deriva genética, que corresponde a mudanças aleatórias na frequência de características em uma população; fluxo gênico, que ocorre quando há troca e mistura de genes entre populações diferentes, e especiação que é o processo onde uma população se divide e dá origem a novas espécies, isso porque ficam isoladas ou se adaptaram a ambientes diferentes. Esses elementos, junto a seleção natural, estabeleceram uma base teórica que explica a diversidade e a transformação da vida ao longo do tempo (Reif et al., 2000).

Essas transformações são impulsionadas por processos como mutações, que alteram o material genético, gerando variabilidade que é a base em que a seleção natural atua. Por sua vez, a seleção natural funciona como um filtro, favorecendo características que conferem vantagens adaptativas. Nesse sentido, Ernst Meyer explica em seu livro “Biologia, ciência única” (p. 135) que:

Seleção natural, tomada em sentido estrito, não é de modo algum um processo de seleção, mas sim de eliminação e de reprodução diferencial. São os indivíduos menos adaptados os primeiros a serem eliminados a cada geração, ao passo que os mais bem-adaptados têm uma chance maior de sobreviver e reproduzir-se.

Hoje, a teoria evolutiva é reconhecida como a base integradora de toda a biologia, unificando áreas como genética, ecologia, paleontologia e fisiologia, conforme sintetizado por Dobzhansky (1973): “Nada na biologia faz sentido exceto à luz da evolução”.

É a genética de populações que fornece as bases teóricas para entender como os processos ocorrem em escala populacional. De acordo com Botelho (2003), a genética de populações “tem sido essencial para a compreensão de diversos problemas no campo da biologia - como o estudo de processos evolutivos e transmissão de caracteres entre gerações” (Botelho, 2003, pg. 1)

Os processos de adaptação e seleção podem ser estudados em diferentes organismos, como, por exemplo, os vírus, que são agentes infecciosos que apresentam uma incrível capacidade de adaptação e evolução. Entender como eles se modificam e se propagam em uma população é crucial para a prevenção e o controle de doenças (Paff, 2014), e a compreensão de como a seleção natural atua sobre essas populações é fundamental, uma vez que a mesma favorece características genéticas que conferem vantagens adaptativas, como a capacidade de infectar células hospedeiras com maior eficiência, escapar do sistema imunológico do hospedeiro ou resistir a tratamentos. Essas características têm origem em mutações que surgem aleatoriamente e que posteriormente são selecionadas conforme conferem maior sucesso adaptativo.

A vantagem que se tem ao usar a modelagem matemática e computacional para simular o modo como a dinâmica evolutiva dos vírus se comporta, é que esses modelos consideram fatores de suma importância, como a taxa de replicação viral, mutações e a transmissão de caracteres entre as gerações de uma determinada população viral, permitindo identificar os padrões emergentes, prever como vai ser a

propagação das variantes virais e aplicar estratégias de controle. Em 2020, durante a pandemia da COVID-19 isso foi de grande importância, uma vez que a capacidade de simular a propagação do vírus e prever como o mesmo poderia evoluir em diferentes cenários foi fundamental (Ghosh; Bhattacharya, 2020; Jithesh, 2021). A possibilidade de simular a propagação de doenças infecciosas é uma ferramenta essencial no planejamento de respostas rápidas e eficazes para surtos (Kermack; McKendrick, 1927).

Além disso, o uso dessa modelagem possibilitou realizar estudos de maneira mais rápida e econômica, que podem ser verificados experimentalmente. Segundo Botelho, 2003 (p. 3):

Os modelos têm a importância de estimar parâmetros e descrever fatos presentes, sempre voltados à previsão de comportamentos que podem ser testados experimentalmente. Eles permitem, portanto, um tratamento quantitativo dos fenômenos, o estabelecimento de previsões e também uma maneira de testar hipóteses.

Entre os modelos utilizados para estudar essa dinâmica está o conceito da Catraca de Muller, proposto por Hermann Joseph Muller, em 1964, que descreve o acúmulo irreversível de mutações deletérias em populações pequenas e assexuadas, o que leva à perda de indivíduos mais adaptados ao longo das gerações. A cada "clique" da catraca, ocorre a fixação de mutações em uma população, ou seja, essas alterações genéticas passam a estar presentes em todos os indivíduos do grupo. Esse acúmulo reduz a adaptabilidade geral da população, tornando o processo evolutivo irreversível em determinadas condições (Colato, 2004).

Nesse cenário, a modelagem computacional surge como uma estratégia para o ensino dos processos evolutivos, permitindo a simulação de sistemas biológicos complexos e oferecendo aos estudantes uma forma de visualizar, explorar e analisar o comportamento de populações sob diferentes condições ambientais e genéticas.

Neste trabalho, propõe-se o ensino da evolução biológica, com ênfase no conceito da Catraca de Muller, utilizando a plataforma Insight Maker para simulação computacional. A proposta está fundamentada na metodologia do ensino por investigação, que estimula a participação ativa dos estudantes na construção do conhecimento, a partir de problemas, hipóteses e análise de evidências.

2.OBJETIVOS

2.1 Gerais

Investigar a Catraca de Muller em populações virais por meio de modelagem computacional e propor uma abordagem didática baseada láa no ensino por investigação para conteúdos relacionados neste processo, pensando no contexto da educação básica.

2.2 Específicos

- Analisar o funcionamento da Catraca de Muller sob diferentes parâmetros populacionais, como taxa de mutação, tamanho populacional, fator seletivo e número de gerações.
- Identificar os fundamentos biológicos e evolutivos relacionados à perda de adaptabilidade em populações pequenas, explicitando o papel da variabilidade genética na seleção natural.
- Identificar os princípios do ensino por investigação, destacando suas contribuições para o ensino de Ciências.
- Desenvolver uma ferramenta visual de ensino em que o aluno possa modificar parâmetros e obter resultados diferentes para o processo evolutivo.

3.DESENVOLVIMENTO

3.1 A evolução no ensino de ciências

A evolução é um dos pilares estruturantes da Biologia e, portanto, deve ocupar um lugar central no ensino de Ciências. No entanto, apesar de sua importância, os conteúdos de evolução ainda são pouco abordados nos currículos escolares, se comparados a outras áreas como Fisiologia ou Zoologia (Carvalho; Nunes-Neto; El-Hani, 2011). Isso dificulta não apenas a compreensão geral do mundo vivo, mas também a formação de uma cidadania crítica, capaz de tomar decisões embasadas em conhecimento científico.

A literatura aponta que o ensino de Biologia, em geral, sofre com a fragmentação e excesso de conteúdos, o que dificulta a aprendizagem dos estudantes. A fim de superar esse cenário, é necessária a seleção de conteúdos com base em conceitos estruturantes, ou seja, conceitos que possuem papel central na organização do conhecimento biológico. Na biologia evolutiva, temos a distinção entre como o darwinismo e as teorias anteriores explicam o processo evolutivo, ancestrais comuns, e em conjunto com esse conceito fazer o uso de narrativas históricas, para explicar, não só o surgimento de adaptações, mas também para promover uma compreensão desses eventos e a explicação da seleção natural (Trivelato; Tonidandel, 2015).

Do ponto de vista epistemológico, a Biologia distingue-se das demais ciências naturais por incorporar uma dimensão histórica em seus objetos e métodos. A biologia evolutiva trabalha com explicações históricas, recorrendo a narrativas e comparações que não se baseiam, exclusivamente, em leis naturais, mas em conceitos centrais como especiação, competição e biodiversidade (Trivelato, Tonidandel, 2015). Isso exige que o ensino de ciências biológicas tenha uma abordagem que respeite a natureza específica da disciplina, e que incorpore práticas que promovam a reflexão sobre variações populacionais e a construção de modelos explicativos baseados em evidências.

Assim, o ensino de evolução deve ser planejado considerando tanto sua natureza conceitual quanto metodológica. É necessário que as atividades didáticas favoreçam o contato dos estudantes com as formas de produção do conhecimento na biologia evolutiva, como a análise de evidências, a formulação de hipóteses e a construção de argumentos.

3.2 A Catraca de Muller como conteúdo didático

A Catraca de Muller é um modelo essencial para a compreensão de processos evolutivos em populações assexuadas. Esse conceito, proposto por Hermann Joseph Muller em 1964, descreve a acumulação irreversível de mutações deletérias em populações que não apresentam recombinação genética, como ocorre com muitos vírus e bactérias. Em resumo, a Catraca de Müller é um mecanismo que mostra como ocorre a perda da variabilidade genética e a atuação da seleção natural.

Do ponto de vista didático, a Catraca de Muller é um excelente exemplo de como fenômenos evolutivos podem ser abordados no Ensino Médio, desde que associados a metodologias que favoreçam a construção ativa do conhecimento. Trata-se de um conteúdo que permite trabalhar diferentes conceitos da Biologia, como mutação, variabilidade genética, deriva genética, seleção natural e reprodução assexuada, de forma integrada, tornando-se um conceito estruturante para a compreensão dos mecanismos evolutivos.

No entanto, a Catraca de Muller é um processo abstrato, e por isso raramente é abordado no ensino básico. Isso pode ser superado com o uso de ferramentas de simulação, como o Insight Maker, uma plataforma online que possibilita a construção de modelos que permitem representar visualmente o processo de acúmulo de mutações em uma população ao longo das gerações.

Além de favorecer a compreensão de conceitos evolutivos, a abordagem didática da Catraca de Muller também possibilita que os alunos sejam ativos no processo de conhecimento, fazendo o levantamento de hipóteses, analisando os dados, e formulando explicações baseadas em evidências e na argumentação científica. Isso é essencial quando tratamos sobre o ensino de ciências que visa um ensino emancipador, que desenvolve o aprendizado crítico e reflexivo no aluno, e não que apenas aborde conceitos desconexos e que não fazem ligação entre si (Trivelato; Tonidandel, 2015).

3.3 Ensino por investigação: princípios e potencialidades

O ensino por investigação é uma abordagem didática que busca aproximar os estudantes da cultura científica, promovendo práticas que envolvam não apenas a

aquisição de conteúdos conceituais, mas também o desenvolvimento de habilidades relacionadas ao “fazer científico”. Essa metodologia não é centrada na transmissão dos conteúdos, mas sim no protagonismo dos estudantes, de forma que eles possam manipular materiais, observar fenômenos, construir hipóteses, analisar dados e elaborar explicações com base em evidências (Sasseron; Carvalho, 2011).

Ao vivenciar práticas investigativas, os alunos são inseridos em um contexto semelhante ao da pesquisa científica real, o que contribui para o desenvolvimento da alfabetização científica. Nessa perspectiva, a aprendizagem acontece por meio da articulação entre teoria e prática, da análise de dados, transformando-os em evidências, e as articula para tentar chegar a resposta desses problemas (Tonidandel, 2008, 2013). Esse processo permite que os estudantes compreendam como o conhecimento científico é produzido, testado, validado e comunicado pela comunidade científica.

Uma atividade pode ser considerada investigativa se os alunos tiverem acesso a dados e a resolução de problemas, com base em teorias que possibilitem a articulação lógica entre observações empíricas e afirmações explicativas (Chinn; Malhortra, 2002). Além disso, a mediação do professor é essencial para guiar o processo investigativo, instigando questionamentos, promovendo a reflexão e facilitando a construção de significados.

Guisasola et al. (2006) destacam que o ensino por investigação deve incorporar aspectos centrais da ciência, como construção de explicações, desenvolvimento e aplicações de metodologias que sejam próprias da ciência, desenvolvimento de hipóteses e previsões, com diferentes formas de investigação, e utilização de conceitos científicos na análise e interpretação dos dados.

O National Research Council (2000) sintetiza essa abordagem em cinco elementos fundamentais:

- Engajamento dos alunos com questões de base científica;
- Ênfase no uso de evidências para responder às questões propostas;
- Construção de explicações fundamentadas nos dados coletados;
- Avaliação das explicações à luz de alternativas teóricas;
- Comunicação clara das conclusões.

No caso das Ciências Biológicas, as práticas investigativas tornam-se ainda mais relevantes por sua capacidade de lidar com a variabilidade biológica, a análise de padrões e a construção de explicações baseadas em conceitos, e não apenas

em leis naturais universais. A Biologia, como ciência histórica e complexa, exige abordagens que respeitem sua especificidade epistemológica e metodológica, o que torna o ensino por investigação especialmente apropriado.

A argumentação científica, por sua vez, é um elemento essencial desta abordagem, pois permite que os estudantes construam, sustentem e comuniquem suas ideias com base em evidências. Conforme argumenta Driver et al. (2000), saber ciência implica não apenas conhecer conceitos e teorias, mas também ser capaz de justificar afirmações com base em dados. Nesse contexto, o ensino por investigação estimula os alunos a elaborar argumentos, a considerar diferentes explicações e a defender conclusões de forma racional e estruturada.

A escrita e o discurso também ocupam papel central nesse processo, funcionando como ferramentas cognitivas para a organização e expressão do pensamento científico (Tomio, 2009). Ao elaborar relatórios, apresentar hipóteses ou participar de discussões em grupo, os estudantes experimentam formas legítimas de participação no universo da ciência, favorecendo o desenvolvimento da competência argumentativa.

Dessa forma, o ensino por investigação, ao integrar experimentação, análise crítica, linguagem científica e argumentação, contribui para uma formação mais autônoma, crítica e reflexiva dos alunos, preparando-os para interagir de maneira mais qualificada com o conhecimento científico e com as questões que permeiam a sociedade contemporânea.

3.4 Modelagem computacional no ensino de Biologia

A modelagem computacional é uma ferramenta poderosa para a investigação de fenômenos complexos, especialmente no campo da Biologia, onde muitas vezes os processos não podem ser observados diretamente ou reproduzidos facilmente em sala de aula. No contexto educacional, a modelagem permite aos estudantes explorar sistemas dinâmicos, testar hipóteses e visualizar padrões que emergem a partir de interações entre variáveis, promovendo um aprendizado ativo e significativo.

Segundo Botelho (2003), a modelagem em genética de populações, como populações virais, torna-se essencial para a compreensão de mecanismos evolutivos, como a seleção natural e o acúmulo de mutações. Ao utilizar modelos computacionais, é possível simular o comportamento de indivíduos ao longo de

várias gerações, estimar parâmetros evolutivos e prever o impacto de diferentes condições ambientais sobre a população. Essas simulações oferecem aos alunos a oportunidade de compreender conceitos abstratos de forma concreta e interativa.

Além disso, entendemos que o uso da modelagem computacional está alinhado aos princípios do ensino por investigação, pois envolve a formulação de hipóteses, a experimentação virtual, a análise de evidências e a construção de explicações fundamentadas. Nesse sentido, a modelagem deixa de ser apenas um recurso ilustrativo e passa a constituir uma estratégia didática.

Ao propor atividades em que os alunos analisem modelos, ajustem parâmetros e interpretem resultados, o professor promove uma aprendizagem ativa, reflexiva e contextualizada. Dessa forma, a modelagem computacional não só amplia a compreensão dos processos biológicos, mas também contribui para a formação de sujeitos críticos, capazes de dialogar com o conhecimento científico e aplicá-lo em contextos reais.

3.5 O Insight Maker como ferramenta de simulação e ensino



Figura 1 - Página inicial do Insight Maker, plataforma de modelagem e simulação computacional, evidenciando as categorias temáticas que auxiliam na construção e exploração de modelos em diferentes contextos educacionais e científicos.

Fonte: <https://insightmaker.com/explore>

O ensino de Ciências pode se beneficiar muito com o uso de ferramentas de modelagem e simulação, como o Insight Maker, que é uma plataforma gratuita que permite a criação de modelos baseados em lógicas de sistemas e simulação, conforme apresentado na figura 1.

Através dessa plataforma é possível criar representações interativas que ajudam na visualização de como ocorrem fenômenos biológicos ao longo do tempo, como a evolução. O Insight Maker favorece a formulação de hipóteses ao permitir que o aluno manipule variáveis, como taxa de mutação, tamanho populacional e fator seletivo, e observe os efeitos dessas alterações no sistema modelado. Dessa forma, o estudante pode prever resultados, testá-los e comparar as simulações obtidas com os conceitos teóricos estudados, transformando os dados gerados em evidências que sustentam ou não suas hipóteses iniciais, tornando os alunos mais ativos no processo de construção do próprio conhecimento.

3.6 - A aplicação do Insight maker em sala de aula

A utilização do Insight Maker no ensino de Ciências, especialmente em temas ligados à evolução biológica, pode ser uma ótima estratégia dentro do ensino por investigação. Essa abordagem permite que os estudantes atuem como protagonistas, incentivando-os a explorar, criar hipóteses e analisar as evidências geradas pelas simulações. Com essa ferramenta, o professor deixa de ser apenas quem transmite o conteúdo e passa a atuar como um orientador do processo de descoberta, estimulando a reflexão e o diálogo entre os alunos.

Segundo o National Research Council (2000), o ensino por investigação é composto por cinco elementos principais, e todos eles podem ser explorados usando o Insight Maker.

O primeiro deles é envolver os alunos com questões fundamentadas na ciência, o que pode começar com uma problematização inicial que desperte a curiosidade sobre o assunto. Nesse cenário, o Insight Maker ajuda a engajar os estudantes ao permitir que eles visualizem sistemas dinâmicos e interativos, observando como as populações virtuais se comportam e refletindo sobre os fatores que influenciam seu desenvolvimento. A representação gráfica desses fenômenos torna as questões científicas mais tangíveis, aproximando os alunos da prática experimental da ciência.

O segundo ponto é o uso de evidências para responder às perguntas feitas. Ao usar o Insight Maker, as simulações criam dados que os estudantes podem alterar, como a taxa de mutação e o fator seletivo, e acompanhar como essas mudanças afetam o funcionamento do modelo. Ao analisar essas variações, eles conseguem estabelecer relações de causa e efeito e construir explicações baseadas em observações.

Na construção de explicações fundamentadas nos dados coletados, o Insight Maker permite que os estudantes interpretem os resultados das simulações e criem suas próprias explicações sobre o que está sendo observado.

A quarta etapa, que é avaliar essas explicações comparando com outras teorias, também pode ser feita usando as simulações, uma vez que os estudantes podem analisar diferentes cenários modelados, como mudanças no fator seletivo, dessa forma o aluno é incentivado a revisar suas hipóteses e confrontar suas conclusões com outras possíveis interpretações.

Por fim, o quinto elemento do ensino por investigação é comunicar de forma clara os resultados obtidos. Depois de explorar e analisar os modelos no Insight Maker, os estudantes podem discutir juntos o que descobriram, compartilhar suas interpretações e justificar suas ideias.

Assim, o Insight Maker não é apenas uma ferramenta para ilustrar conceitos, mas uma plataforma que permite viver todas as etapas do ensino por investigação. Dessa forma, o processo de aprendizagem se torna uma experiência mais analítica e reflexiva. Quando combinamos a simulação em computadores com uma abordagem investigativa, ensinar sobre evolução fica mais interessante e fácil de entender. Isso ajuda a compreender melhor os conceitos e estimula o pensamento crítico.

4.METODOLOGIA

A metodologia utilizada neste trabalho é de natureza qualitativa e teórico-metodológica, baseada na pesquisa bibliográfica e na criação e interpretação de modelos computacionais. Pesquisas qualitativas têm como característica a análise detalhada de fenômenos na área da educação, levando em conta contexto e os conceitos envolvidos na prática docente (Gil, 2008). Dito isso, esse trabalho procura compreender como os processos de evolução podem ser ensinados por meio de uma proposta que combina modelagem computacional e o ensino por investigação, a partir de uma perspectiva interpretativa e analítica.

Do ponto de vista metodológico, esse trabalho é classificado como pesquisa aplicada no campo de ensino de ciências, uma vez que ela desenvolve um recurso educacional, que é o modelo computacional baseado na Catraca de Muller e a análise de suas potencialidades no contexto da educação básica.

Além disso, a metodologia se apoia no Ensino por Investigação para desenvolver a proposta didática apresentada, que é uma abordagem que envolve etapas como problematizar, levantar hipóteses, analisar evidências, argumentar e organizar conceitos de forma sistematizada. Essa metodologia coloca o estudante como protagonista na construção do conhecimento, valorizando processos de pensamento mais elaborados e incentivando a autonomia. Ao utilizar o Ensino por Investigação como base da metodologia de ensino, este estudo explora suas possibilidades para ensinar sobre evolução e discute como as fases da investigação podem ser integradas ao uso de modelos computacionais, destacando a conexão entre modelagem, pensamento científico e decisões fundamentadas.

Para começar, foi desenvolvida, em linguagem Python, uma simulação computacional que representasse a dinâmica evolutiva de uma população de tamanho fixo (N) composta por indivíduos que se reproduzem de forma assexuada. O tamanho populacional (N) foi mantido fixo para garantir que as variações observadas ao longo das gerações fossem resultantes apenas dos processos de mutação e seleção natural, permitindo o modelo isolar os efeitos evolutivos e analisar de maneira mais controlada o acúmulo de mutações deletérias. Nesse contexto, os descendentes podem ou não herdar as mutações, dependendo da ocorrência aleatória de novas mutações durante o processo de replicação. Assim, indivíduos sem mutações podem originar descendentes mutantes, enquanto

indivíduos com mutações podem gerar descendentes sem novas alterações genéticas, mantendo o patrimônio genético da geração parental. Nesse contexto, é considerado que os genomas são infinitos, o que implica que cada mutação ocorre em um sítio único no genoma, sem sobreposição de mutações anteriores, como feito por Botelho (2003).

Em seguida, é acrescentado no código a adaptabilidade do indivíduo (W) em relação ao meio, descrita pela função $W = (1 - S)^K$, onde S representa a taxa de seleção do ambiente e K o número de mutações acumuladas. Essa equação basicamente identifica que cada nova mutação reduz a adaptabilidade de um indivíduo de um fator $(1 - S)$, e foi implementada no código. Ao analisar o resultado, é possível observar qual é o indivíduo que possui maior adaptabilidade em relação ao meio, pois o número de mutações determina qual a probabilidade de um indivíduo de deixar descendentes para a próxima geração, uma vez que, quanto maior for o número de mutações, menores são as chances de deixar descendentes. A partir desse cálculo foram gerados gráficos que representam os valores mínimos, máximos e médios de mutações ao longo das gerações, permitindo ver o funcionamento da Catraca de Muller.

A fim de tornar o modelo mais realista, é acrescentado no código a distribuição de Poisson, que tem o intuito de representar de maneira mais realista o processo de surgimento das mutações ao longo das gerações, possibilitando representar com mais precisão como estas influenciam na dinâmica evolutiva. A distribuição de Poisson permite calcular a probabilidade de um indivíduo acumular um determinado número de mutações por geração, tornando o modelo estatisticamente coerente com a variabilidade observada em populações reais. Diante disso, a seleção deixa de ser aleatória e passa a priorizar os indivíduos mais adaptados, que possuem mais chances de deixar descendentes para as próximas gerações, aproximando a simulação dos princípios da seleção natural que ocorrem em populações reais.

Além disso, a evolução de uma população é influenciada por diversos fatores, como a taxa de mutação, o número de experimentos realizados, o tamanho da população e a quantidade de gerações simuladas. A alteração desses parâmetros pode modificar significativamente o comportamento e os resultados do modelo,

permitindo explorar de forma mais detalhada a dinâmica evolutiva e os efeitos de diferentes condições sobre a adaptação e a sobrevivência das populações.

Posteriormente, após a validação do algoritmo em Python, o modelo foi adaptado para a plataforma do Insight Maker, Essa mudança teve como objetivo oferecer aos estudantes uma ferramenta que fosse acessível e que permita ajustar os parâmetros para acompanhar graficamente o comportamento das populações.

Nessa plataforma, o modelo foi organizado em classes, de 0 a 5, que representam diferentes níveis de mutações acumuladas pelos indivíduos. As transições entre essas classes foram baseadas nas probabilidades de mutação, enquanto os efeitos da seleção foram implementadas por meio de funções que controlam a proporção de cada classe ao longo das gerações, permitindo simular, de forma visual e interativa, o avanço da catraca de Muller, e a comparação entre possíveis cenários, o que favorece a formulação de hipótese pelos estudantes, processo essencial para o ensino por investigação.

5.RESULTADOS

A simulação computacional desenvolvida em Python permitiu observar o comportamento de populações assexuadas sob diferentes condições evolutivas, tendo como objetivo reproduzir o funcionamento da Catraca de Muller. Os resultados obtidos evidenciam como a taxa de mutação, o tamanho populacional, o fator seletivo e o número de gerações influenciam diretamente a velocidade do acúmulo de mutações deletérias e, conseqüentemente, a perda de adaptabilidade dos indivíduos ao longo do tempo.

Nos primeiros experimentos, foi possível constatar que taxas de mutação mais baixas resultam em uma evolução mais lenta, com valores médios e máximos de mutações significativamente menores. Todavia, quando a taxa de mutação é alta, o acúmulo de mutações ocorre de forma mais rápida, refletindo um aumento expressivo na variabilidade genética e na frequência de mutações fixadas em poucas gerações, figura 1 e 2.

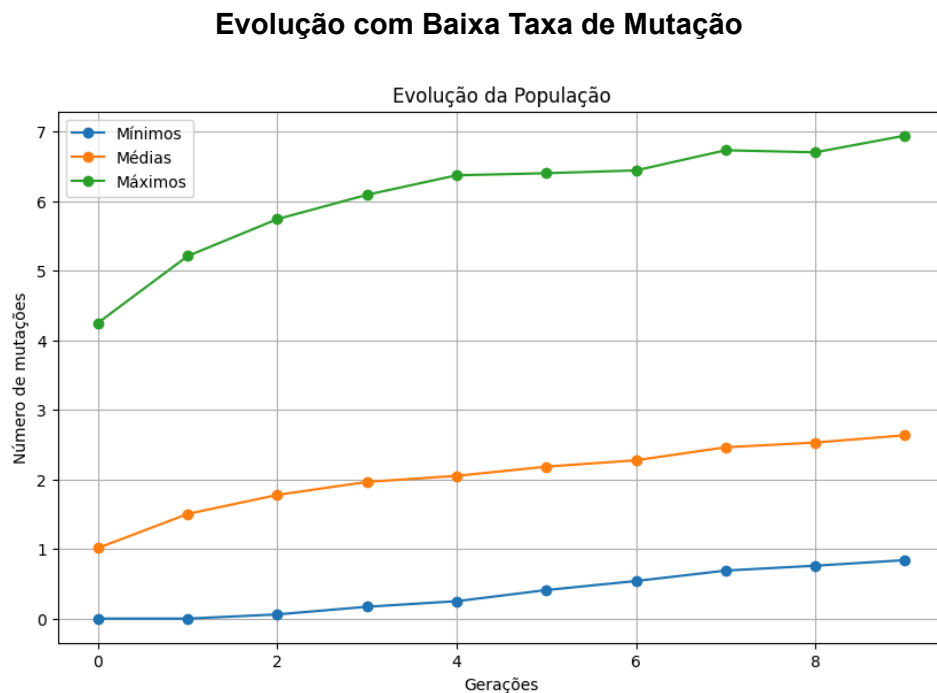


Figura 2 - Taxa de mutação 2; tamanho da população: 100; quantidade de gerações: 10; Fator Seletivo: 0,5. Com a baixa taxa de mutação a evolução é mais lenta, com média e máximo menores.

(Fonte: autoria própria)

Evolução com alta taxa de mutação

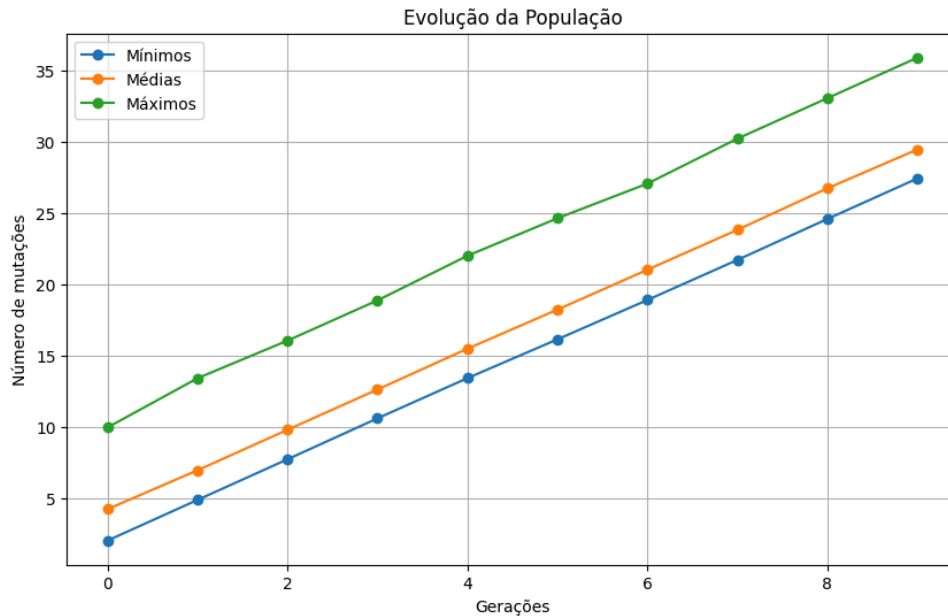


Figura 3 -Taxa de mutação:8; tamanho da população: 100; quantidade de gerações:10; fator seletivo:0,5. Com a alta taxa de mutação há uma rápida variação na média de mutações por gerações, com máximos elevados. (Fonte: autoria própria)

O tamanho da população define o número de indivíduos em cada geração e influencia diretamente a dinâmica evolutiva. Populações pequenas são mais suscetíveis a efeitos aleatórios, como a deriva genética, e a evolução é menos previsível. Todavia, em grandes populações o efeito aleatório tem menor impacto, e a seleção natural opera de forma mais consistente. Além disso, os resultados são mais estáveis e menos variáveis, conforme figuras 3 e 4.

Efeito do tamanho reduzido da população

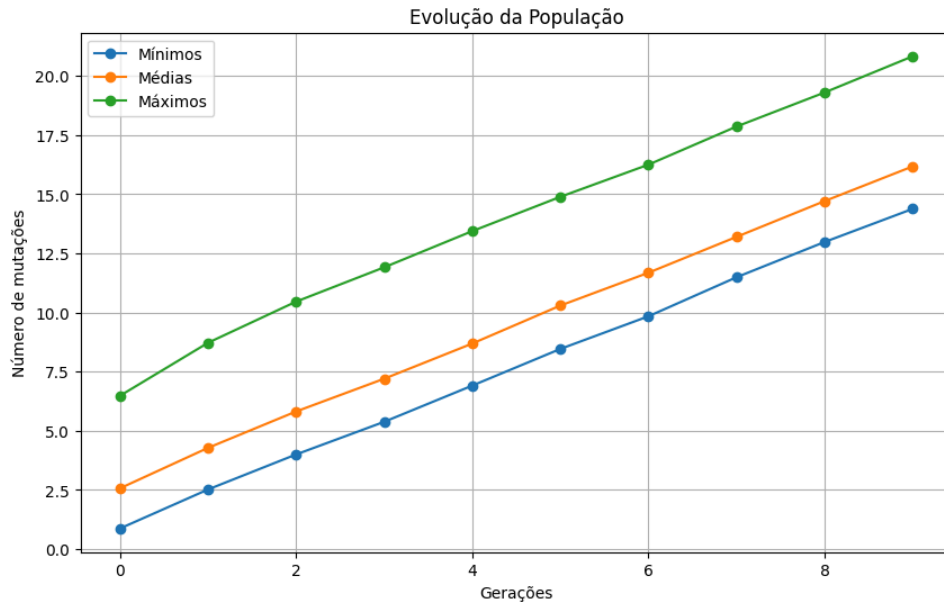


Figura 4 -Taxa de mutação: 5; tamanho da população: 50; quantidade de gerações:10; fator seletivo: 0,5. Com a população de um tamanho menor, a evolução tem uma maior variação dos valores médios. (Fonte: autoria própria)

Efeito da População Grande na Evolução

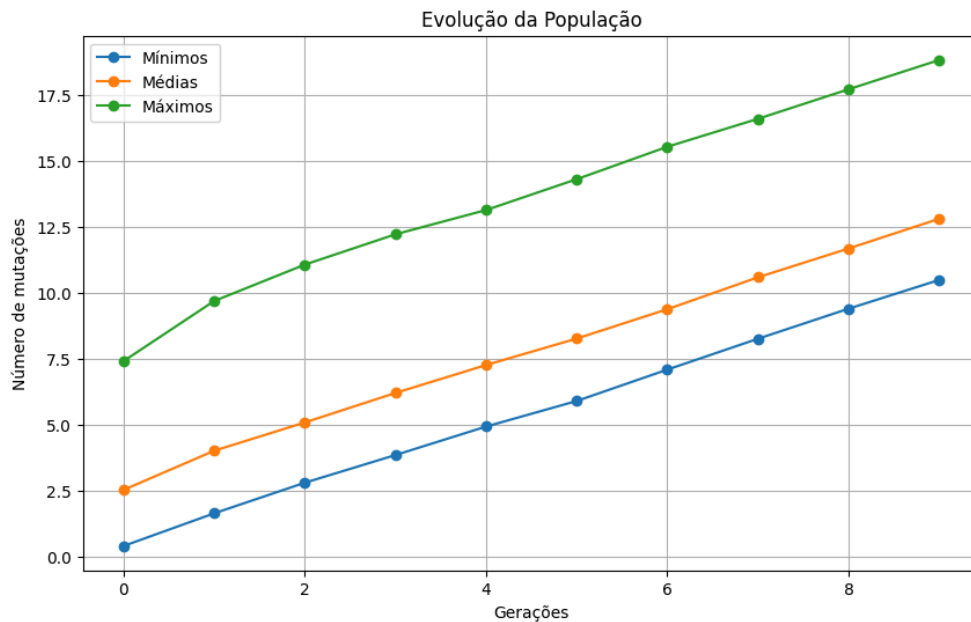


Figura 5 - Taxa de mutação: 5; tamanho da população: 150; quantidade de gerações:10; fator seletivo: 0,5. Com a população grande, a evolução é gradual. (Fonte: autoria própria)

Outro fator é a quantidade de gerações, que define por quanto tempo a evolução é simulada, impactando a extensão das mudanças acumuladas. Mais gerações permite a observação de padrões evolutivos mais complexos, como o acúmulo irreversível de mutações deletérias, a perda de diversidade genética por deriva genética e o aparecimento de subpopulações, onde diferentes grupos desenvolvem características genéticas diferentes ao longo do tempo e uma maior diferença quando comparada a população inicial. Com menos gerações, as tendências são menos visíveis, dificultando a análise de padrões evolutivos, como visto nas figuras 5 e 6

Efeito do Número Reduzido de Gerações

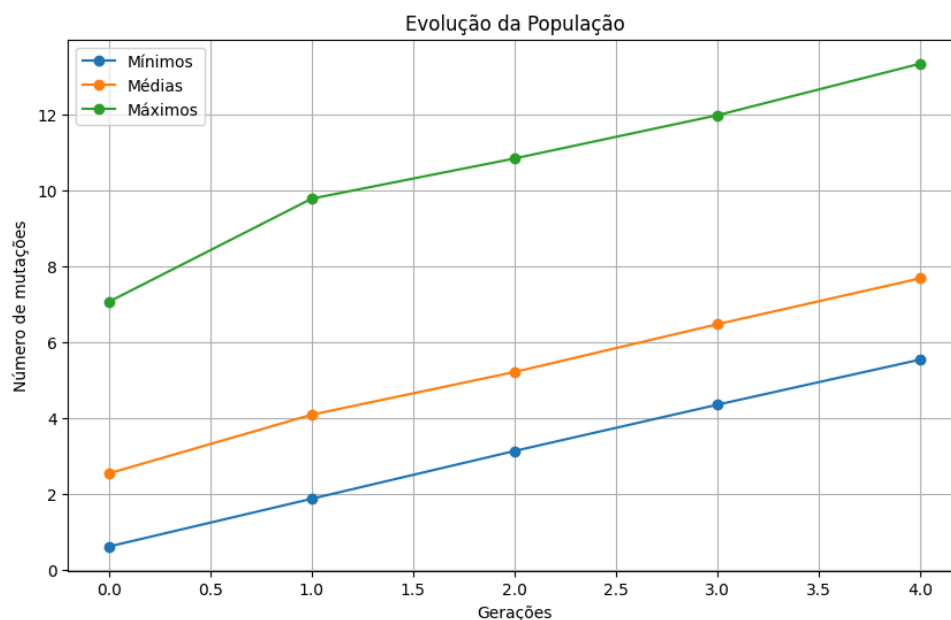


Figura 6- Taxa de mutação: 5; tamanho da população: 100; quantidade de gerações: 5; fator seletivo: 0,5. Por serem poucas gerações, a adaptação inicial é sem estabilização. (Fonte: autoria própria)

Efeito do Número Elevado de Gerações

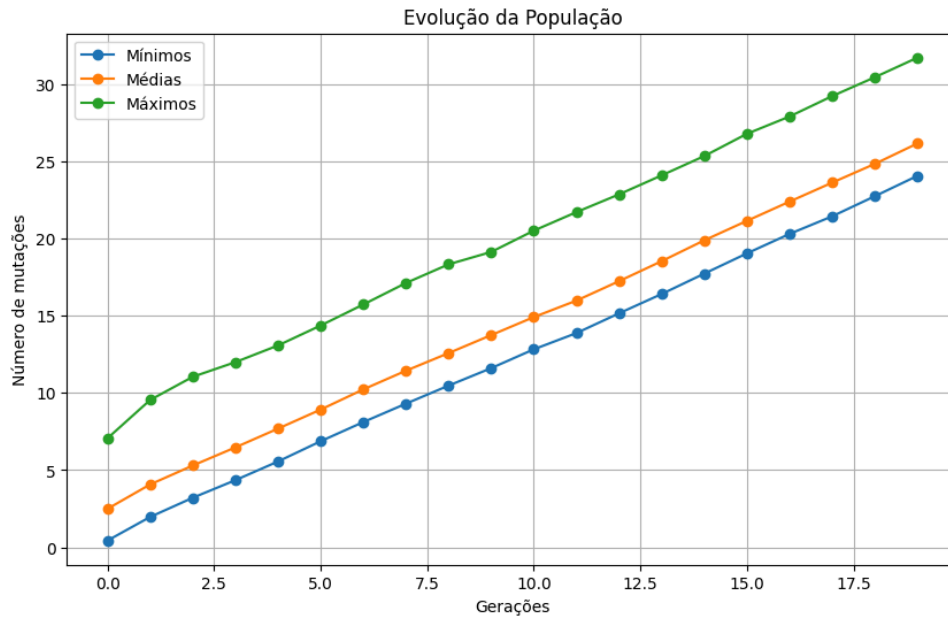


Figura 7 - Taxa de mutação: 5; tamanho da população: 100; quantidade de gerações: 20; fator seletivo: 0,5. Com muitas gerações a adaptação progressiva, com estabilização nos valores médios.

(Fonte: autoria própria)

Por fim, o fator seletivo (S) determina a pressão de seleção sobre a população, demonstrando a intensidade da seleção natural, e como esta influencia diretamente o ritmo da evolução. Em ambientes com baixo fator seletivo, houve maior acúmulo de mutações ao longo das gerações, enquanto em cenários com seleção maior, indivíduos com menos mutações são fortemente favorecidos, resultando em uma evolução onde o número médio de mutações permanece baixo, como é possível observar nas figuras 7 e 8.

Evolução com Fator Seletivo Baixo

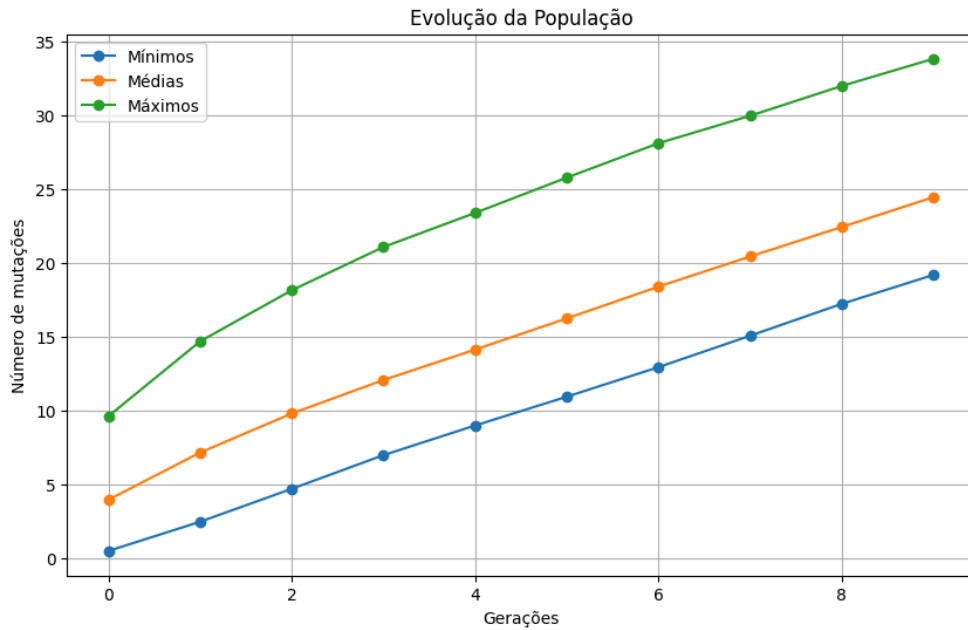


Figura 8 - Taxa de mutação: 5; tamanho da população: 100; quantidade de gerações: 10; fator seletivo: 0,2. O fator de seleção “s” é baixo, então há uma maior acumulação de mutações ao longo das gerações. (Fonte: autoria própria)

Evolução com Fator Seletivo Alto

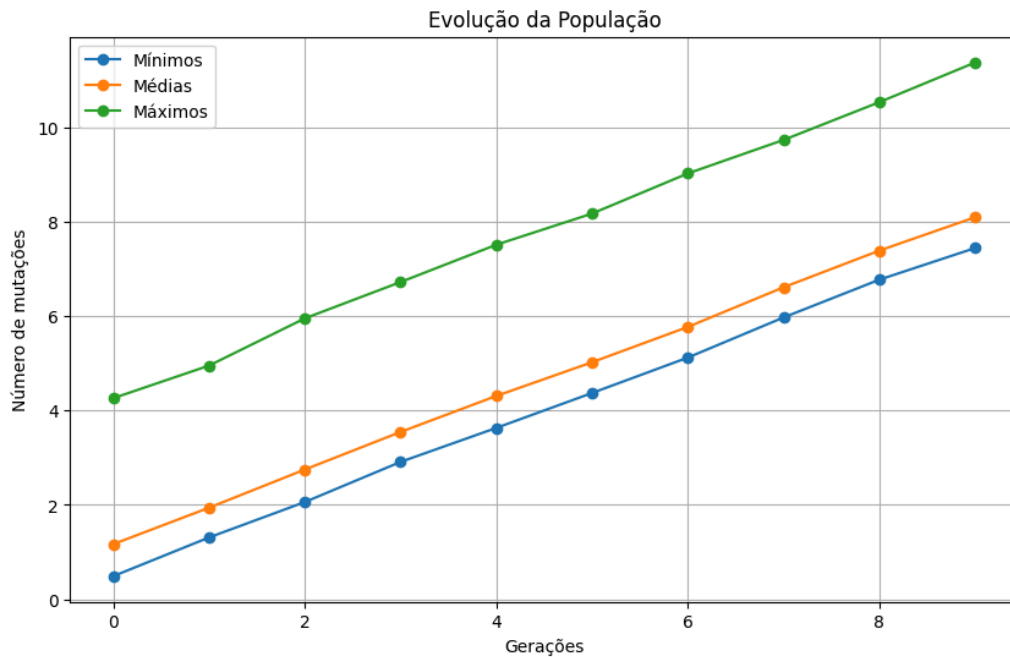


Figura 9 - Taxa de mutação: 5; tamanho da população: 100; quantidade de gerações: 10; fator seletivo: 0,8. Como o fator de seleção é alto, a evolução é mais restrita, com menor número de mutações na média. (Fonte: autoria própria)

De modo geral, os resultados confirmam o comportamento previsto pelo modelo teórico da Catraca de Muller, reforçando que populações pequenas e assexuadas estão mais sujeitas à perda irreversível da adaptabilidade. Esses achados destacam o potencial da modelagem computacional como uma ferramenta eficaz para o ensino de conceitos evolutivos complexos, permitindo que os alunos visualizem, de forma concreta, como diferentes parâmetros interferem na dinâmica

Por fim, baseado no modelo computacional desenvolvido, o trabalho avançou para a elaboração de uma proposta didática que utiliza o insight maker como ferramenta para ajudar os alunos a entenderem, através de representações gráficas e interativas como ocorrem os processo evolutivo, permitindo que os estudantes explorem os efeitos da acumulação das mutações em populações ao longo do tempo sem a necessidade de desenvolver um código computacional.

5.1 Resultados do Insight Maker

As simulações realizadas no Insight Maker possibilitam visualizar o comportamento da Catraca de Muller sob diferentes combinações de taxa de mutação (U) e fator seletivo (S). As figuras ilustram a estrutura do modelo e os resultados obtidos nas simulações, evidenciando como variações nesses parâmetros influenciam a composição das classes populacionais ao longo das gerações. Nesse modelo esquemático representado pela Figura 9, as caixas azuis representam as diferentes classes populacionais (Classe 0 a Classe 5), enquanto os círculos laranja indicam as transições de mutação entre elas (mut 0–1, mut 1–2, etc.).

Modelo Esquemático no Insight Maker

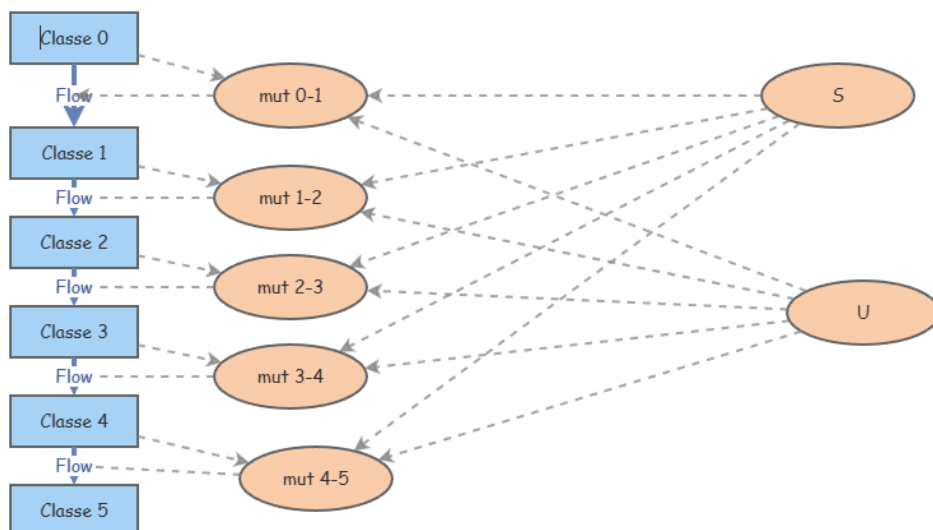


Figura 10 - Representação esquemática do modelo construído na plataforma Insight Maker. (Fonte: autoria própria)

A simulação realizada com $S=0,1$ e $U = 0,5$ e representada pela figura 11, demonstra o comportamento da população quando o fator seletivo é baixo e a taxa de mutação média. Nesse caso, é possível observar que as classes com mais mutações, tornam-se predominantes em poucas gerações, indicando o acúmulo de mutações deletérias e a perda de indivíduos mais adaptados, conforme é possível observar na figura abaixo.

Simulação com $S = 0,1$ e $U = 0,5$;

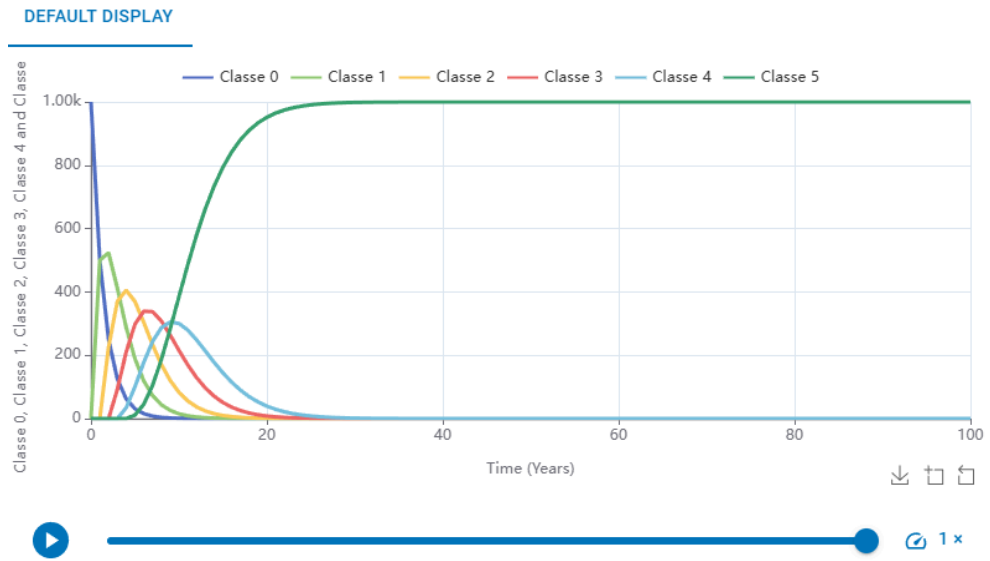


Figura 11 - distribuição das classes populacionais ao longo do tempo em uma simulação com baixo fator seletivo e taxa de mutação intermediária. (Fonte: autoria própria)

Por outro lado, a figura 12, demonstra como o fator seletivo alto e a taxa de mutação média influência na população, deixando-a mais estável ao longo das gerações, uma vez que as classes com menos mutações continuam sendo as mais presentes na população, demonstrando que a seleção natural atua eliminando indivíduos com maior número de mutações deletérias.

Simulação com $S = 0,9$ e $U = 0,5$

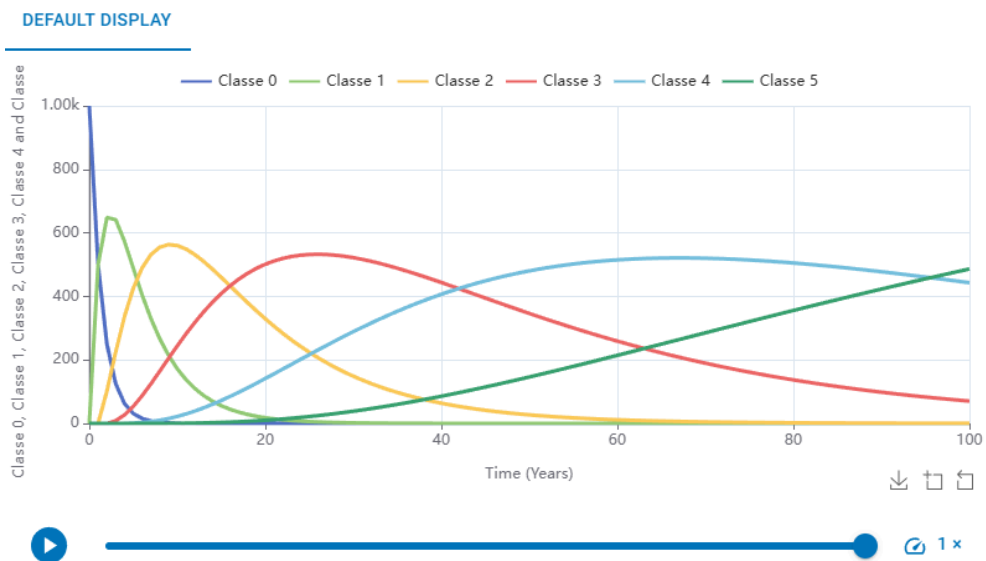


Figura 12 – Com um fator seletivo alto e taxa de mutação intermediária, nota-se que a população mantém maior estabilidade ao longo das gerações. (Fonte: autoria própria)

Por fim, quando analisamos a simulação representada na figura 13, é possível notar que a combinação entre baixo fator seletivo e alta mutação gera rápido acúmulo de mutações, isso faz com que classes mais mutadas se tornem mais comuns. Esse fenômeno mostra que quando há uma taxa de mutação alta e pouca pressão para a seleção, a deterioração genética ocorre de forma mais rápida. O modelo evidencia a intensificação da Catraca de Muller e a diminuição da adaptabilidade da população.

Simulação com $S = 0,1$ e $U = 0,9$

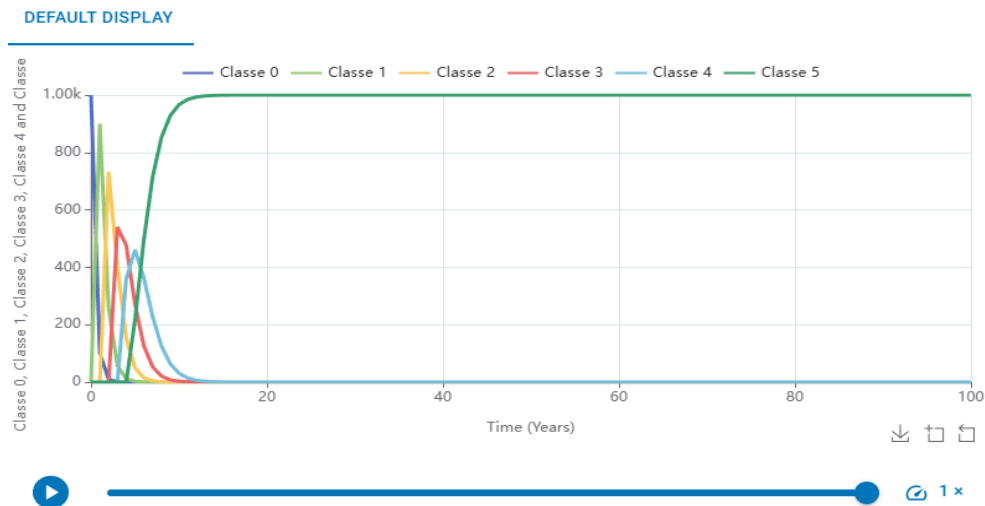


Figura 13 – Simulação com baixo fator seletivo e alta taxa de mutação. Observa-se uma rápida acumulação de mutações, levando à predominância das classes com maior número de alterações genéticas. (Fonte: autoria própria)

6.DISCUSSÃO

Os resultados obtidos através da modelagem computacional permitem compreender o funcionamento da Catraca de Muller e analisar como diferentes parâmetros evolutivos influenciam o acúmulo de mutações deletérias em populações assexuadas. A partir das simulações feitas em Python, e levadas para o insight maker, foi possível observar como as variáveis como taxa de mutação, fator seletivo, tamanho populacional e número de gerações, exercem efeitos sobre o comportamento evolutivo das populações modeladas.

As simulações feitas em Python mostraram o caráter irreversível do acúmulo de mutações deletérias em populações pequenas e assexuadas, algo central para compreender a Catraca de Muller. Nos resultados, é possível observar que populações submetidas a altas taxas de mutação acumulam mutações prejudiciais rapidamente, o que reduz sua adaptabilidade ao longo das gerações. Outro aspecto importante observado nas simulações é o efeito do tamanho populacional, uma vez que as populações pequenas apresentaram maior variação e instabilidade no número médio de mutações, enquanto populações maiores apresentaram maior estabilidade. Esses resultados reforçam a ideia de que o tamanho populacional influencia diretamente o avanço da Catraca de Muller, já que a deriva genética é mais forte em grupos reduzidos.

Os testes envolvendo o fator seletivo (S) demonstram que quando a seleção é baixa, as mutações deletérias se acumulam mais rapidamente, em contrapartida, quando é forte, há maior predominância de classes menos mutadas e a população se mantém mais estável. Isso indica que a seleção natural funciona como um filtro que retarda o acúmulo de mutações desfavoráveis.

A adaptação do modelo para o Insight Maker tornou esses padrões ainda mais fáceis de visualizar, uma vez que os gráficos gerados pela plataforma permitiram acompanhar a evolução das classes populacionais sob diferentes combinações de taxa de mutação e intensidade seletiva. Assim como nas simulações em Python, ficou evidente que cenários com alta mutação e baixa seleção levam rapidamente ao domínio de classes muito mutadas, ao passo que condições com seleção mais forte retardam esse processo.

A correspondência entre os resultados obtidos nos dois modelos reforça a consistência das simulações e mostra que o Insight Maker é uma ferramenta útil no

contexto educacional. O Python oferece precisão e controle das variáveis, enquanto o Insight Maker facilita a visualização e a interpretação dos fenômenos, tornando a modelação mais acessível a estudantes da educação básica.

Esses resultados dialogam diretamente com os princípios do ensino por investigação, já que as simulações permitem que os estudantes formulem hipóteses, testem diferentes cenários, analisem dados e elaborem explicações fundamentadas (Sasseron; Carvalho, 2011). Ao alterar parâmetros como taxa de mutação ou força da seleção, o aluno observa mudanças concretas no comportamento da população, o que favorece o desenvolvimento do raciocínio causal e argumentativo.

De forma geral, os resultados demonstram que a modelagem computacional é uma ótima estratégia para o ensino de evolução, especialmente quando articulada ao ensino por investigação. A Catraca de Muller mostrou-se um tema adequado para essa abordagem, pois permite trabalhar conceitos chave, como mutação, seleção, deriva e adaptabilidade, de forma integrada e visual. Assim, o estudo indica que o uso pedagógico da modelagem pode ajudar a reduzir a abstração típica do ensino da evolução, aproximando os estudantes do modo como a ciência produz e interpreta conhecimentos.

7.CONCLUSÃO

Esse trabalho teve como objetivo utilizar a modelagem computacional e o ensino por investigação como estratégia didática para o ensino dos processos evolutivos, com foco no modelo da Catraca de Muller. A proposta partiu do reconhecimento de que a teoria evolutiva, embora seja um eixo estruturante da Biologia, ainda é tratada de forma fragmentada e abstrata na educação básica. Assim, o desenvolvimento de um modelo computacional capaz de simular o acúmulo de mutações em populações assexuadas mostrou-se uma alternativa eficiente para aproximar os estudantes dos mecanismos que regem a evolução biológica, tornando-os observáveis e possibilitando a análise.

A construção do algoritmo em Python e sua adaptação à plataforma Insight Maker permitiram visualizar, de modo interativo, o funcionamento da Catraca de Muller sob diferentes condições populacionais, revelando o impacto de variáveis como taxa de mutação, tamanho populacional, fator seletivo e número de gerações sobre a adaptabilidade dos indivíduos. A partir dessa modelagem, foi possível demonstrar que pequenas populações assexuadas tendem ao acúmulo irreversível de mutações deletérias, comprometendo sua adaptação ao longo do tempo, ilustrando a importância da variabilidade genética e da seleção natural nos processos evolutivos.

Mais do que um recurso ilustrativo, a modelagem computacional foi usada como uma ferramenta investigativa, capaz de promover o protagonismo do aluno na construção do conhecimento. Ao permitir que os alunos explorem cenários, formulem hipóteses, testem variáveis e interpretem resultados, o uso da simulação se alinha aos princípios do ensino por investigação, estimulando a argumentação científica e a alfabetização científica. Essa integração entre tecnologia e metodologia investigativa reforça a importância de abordagens que vão além da simples transmissão de conteúdos de forma bancária, valorizando a curiosidade, a problematização e o pensamento crítico.

Por fim, este trabalho tem como objetivo demonstrar o potencial da modelagem computacional como instrumento pedagógico no ensino de Biologia, especialmente em temas considerados de maior complexidade, como a evolução. A combinação entre o modelo da Catraca de Muller e a proposta didática investigativa

oferece um caminho para tornar o ensino mais significativo, conectando teoria e prática.

7.REFERÊNCIAS

BOTELHO, Daniela Favarão. **Dinâmica de modelos de genética de populações com recombinação**. Biblioteca Digital de Teses e Dissertações da USP, 2003. Disponível em: <https://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/76/76131/tde-16092008-095430/pt-br.ph> Acesso em: 24 out. 2025.

COLATO, Alexandre. **Acúmulo de mutações em linhagens assexuadas: uma abordagem via experimentos computacionais**. 2004. Tese (Doutorado em Física Básica) - Instituto de Física de São Carlos, Universidade de São Paulo, São Carlos, 2004. doi:10.11606/T.76.2004.tde-11092007-101710. Acesso em: 18 out. 2025.

FUTUYMA, D. **Biologia evolutiva** – Editora Funpec, 3ª edição, Ribeirão Preto, SP, 2009

GHOSH, S.; BHATTACHARYA, S. **A data-driven understanding of covid-19 dynamics using sequential genetic algorithm based probabilistic cellular automata**. Applied Soft Computing, v. 96, p. 106692, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.asoc.2020.106692>. Acesso em: 21 de nov. 2025

GIL, Antonio Carlos. **Métodos e técnicas de pesquisa social**. 6. ed. São Paulo: Atlas, 2008.

GRIFFITHS, Anthony J. F.; WESSLER, Susan R.; CARROLL, Sean B.; DOEBLEY, John. **Introdução à genética**. 10. ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2016.

HARTL, D.L. **Princípios de Genética de População**. 3° ed. Ribeirão Preto, SP. Funpec editora, 217p. 2008.

KERMACK, W. O.; MCKENDRICK, A. G. **A contribution to the mathematical theory of epidemics**. Proceedings of the Royal Society of London. Disponível em: <https://doi.org/10.1098/rspa.1927.0118>. Acesso em: 21 de nov. 2025

MAYR, Ernst. **Biologia: uma ciência única**. São Paulo: Companhia das Letras, 2005.

PEGORARO, Ariane; SOARES, Luana Gonçalves; RIZZON, Mariluzza Zucco; DAL MOLIN, Eliete; MARTINS FERNANDES, Fabiana; BONATO LOVATO, Luciana; CUNHA, Gladis Franck. **A importância do ensino de evolução para o pensamento crítico e científico**. Revista Interdisciplinar de Ciência Aplicada, Caxias do Sul, v. 1, n. 2, p. 10-15, out. 2016. Disponível em: <https://sou.ucs.br/etc/revistas/index.php/ricaucs/article/view/4335/2691>. Acesso em: 06 nov. 2025.

RICKELFS, R.E. 2010. **A economia da natureza**. 6° ed. Guanabara Koogan, Rio de Janeiro. 503 p.

RIDLEY, Mark. **Evolução**. 3° ed. Porto Alegre: Artmed, 2006.

SASSERON, L. H.; CARVALHO, A. P. **Construindo argumentação na sala de aula: a presença do ciclo argumentativo, os indicadores de alfabetização científica e o padrão de Toulmin.** Ciência e Educação Bauru. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/ciedu/a/CyDQN97T7XBKkMtNfrXMwbC/abstract/?lang=pt>. Acesso em 05 de nov. 2025.

SILVA, Felipe André; NERY, Mariana Freitas. **Dos tentilhões de Darwin ao combate da pandemia: um olhar histórico e atual sobre a importancia da Teoria Evolutiva.** Revista de Biologia. 2023. Vol. v22.2, p1-7. Disponível em: <https://revistas.usp.br/revbiologia/article/view/181732/196716>. Acesso em 06 de nov. 2025.

SILVA, Guilherme Dias Cardoso. **Modelo de propagação da COVID-19 baseado em Autômatos Celulares Probabilísticos.** Uberlândia: Universidade Federal de Uberlândia, Faculdade de Computação, 2024. Trabalho de conclusão de curso (Bacharelado em Sistemas de Informação). Disponível em: <https://repositorio.ufu.br/bitstream/123456789/44057/2/Modelopropaga%C3%A7%C3%A3oCOVID-19.pdf>. Acesso em: 23 de nov. 2025.

TONIDANDEL, S. M. **Escrita argumentativa de alunos do ensino médio.** Dissertação (Mestrado em Educação) - Faculdade de educação da Universidade de São Paulo, São Paulo. 2008. Disponível em: <https://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/48/48134/tde-05112009-153303/publico/DissertacaoSandraTonidandel.pdf> Acesso em: 16 de nov. de 2025.

TONIDANDEL, S. M. **Superando obstáculos no ensino e na aprendizagem da evolução biológica O desenvolvimento da argumentação dos alunos no uso de dados como evidências da seleção natural numa sequência didática baseada em investigação.** Tese (Doutorado em Educação) - Faculdade de Educação Universidade de São Paulo, São Paulo. 2013. Disponível em: https://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/48/48134/tde-18122014-100501/publico/SANDRA_MARIA_RUDELLA_TONIDANDEL_rev.pdf. Acesso em: 23 de nov. 2025.

TRIVELATO, S. L. F. **Ensino por investigação: eixos organizadores para sequências de ensino de Biologia.** Ensaio: Pesquisa em Educação em Ciências, Belo Horizonte, v. 14, n. 2, p. 361-379, 2015. Disponível em:

<https://www.scielo.br/j/epec/a/VcyLdKDwhT4t6WdWJ8kV9Px/?lang=pt>. Acesso em: 6 nov. 2025.

ANEXOS

O código a seguir foi desenvolvido para obter os resultados apresentados na seção resultados.

```
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt

# Função para plotar os resultados das evoluções
def plotar_resultados(minimos, medias, maximos, title="Evolução da
População", xlabel="Gerações", ylabel="Número de mutações",
legend=True):
    plt.figure(figsize=(10, 6))
    plt.plot(minimos, label='Mínimos', linestyle='-', marker='o')
    plt.plot(medias, label='Médias', linestyle='-', marker='o')
    plt.plot(maximos, label='Máximos', linestyle='-', marker='o')
    plt.title(title)
    plt.xlabel(xlabel)
    plt.ylabel(ylabel)
    if legend:
        plt.legend()
    plt.grid(True)
    plt.show()

# Função para plotar a adaptabilidade
def plotar_adaptabilidade(minimos, medias, maximos, title="Evolução
da Adaptabilidade", xlabel="Gerações", ylabel="Adaptabilidade",
legend=True):
    plt.figure(figsize=(10, 6))
    plt.plot(minimos, label='Mínima Adaptabilidade', linestyle='-',
marker='o')
    plt.plot(medias, label='Média Adaptabilidade', linestyle='-',
marker='o')
    plt.plot(maximos, label='Máxima Adaptabilidade', linestyle='-',
marker='o')
    plt.title(title)
    plt.xlabel(xlabel)
    plt.ylabel(ylabel)
    if legend:
        plt.legend()
    plt.grid(True)
    plt.show()

# Função para gerar a população inicial (todos com zero mutações)
def gerar_populacao(tamanho_populacao):
    return np.zeros(tamanho_populacao, dtype=int)

# Função para evoluir a população ao longo das gerações
def evoluir_populacao(populacao, qtd_geracoes, taxa_mutacao=5,
s=0.999):
    dados_cada_evolucao = []
    adaptabilidade_min_por_geracao = []
    adaptabilidade_med_por_geracao = []
    adaptabilidade_max_por_geracao = []
```

```

    for geracao in range(1, qtd_geracoes + 1):
        # Gerar mutações para cada indivíduo com uma distribuição
de Poisson
        incrementos = np.random.poisson(taxa_mutacao,
populacao.shape)
        populacao += incrementos

        # Calcular adaptabilidade
        adaptabilidade = (1 - s) ** populacao
        soma_adaptabilidade = np.sum(adaptabilidade)
        adaptabilidade_normalizada = adaptabilidade /
soma_adaptabilidade
        assert np.isclose(np.sum(adaptabilidade_normalizada), 1.0),
"A soma das adaptabilidades normalizadas não é igual a 1"

        # Seleção: indivíduos com maior adaptabilidade têm maior
chance de sobreviver
        populacao_selecionada = np.random.choice(populacao,
size=populacao.shape[0], p=adaptabilidade_normalizada)
        populacao = populacao_selecionada

        valor_min = np.min(populacao)
        valor_med = np.mean(populacao)
        valor_max = np.max(populacao)
        dados_cada_evolucao.append((valor_min, valor_med,
valor_max))

    adaptabilidade_min_por_geracao.append(np.min(adaptabilidade_normali
zada))

    adaptabilidade_med_por_geracao.append(np.mean(adaptabilidade_normali
zada))

    adaptabilidade_max_por_geracao.append(np.max(adaptabilidade_normali
zada))

    return dados_cada_evolucao, adaptabilidade_min_por_geracao,
adaptabilidade_med_por_geracao, adaptabilidade_max_por_geracao

# Função para executar múltiplos experimentos
def executar_experimentos(qtd_experimentos, tamanho_populacao,
qtd_geracoes, taxa_mutacao=5, s=0.5):
    todos_min = []
    todos_med = []
    todos_max = []
    adaptabilidade_min_geral = []
    adaptabilidade_med_geral = []
    adaptabilidade_max_geral = []

    for experimento in range(1, qtd_experimentos + 1):
        populacao = gerar_populacao(tamanho_populacao)
        evolucao, adapt_min, adapt_med, adapt_max =
evoluir_populacao(populacao, qtd_geracoes, taxa_mutacao, s=s)
        print(f"Evolução do Experimento {experimento}: {evolucao}")

```

```

minimos = [dado[0] for dado in evolucao]
medias = [dado[1] for dado in evolucao]
maximos = [dado[2] for dado in evolucao]

todos_min.append(minimos)
todos_med.append(medias)
todos_max.append(maximos)
adaptabilidade_min_geral.append(adapt_min)
adaptabilidade_med_geral.append(adapt_med)
adaptabilidade_max_geral.append(adapt_max)

media_min = np.mean(todos_min, axis=0)
media_med = np.mean(todos_med, axis=0)
media_max = np.mean(todos_max, axis=0)

# Alteração no ylabel para "Número de mutações"
plotar_resultados(media_min, media_med, media_max,
ylabel="Número de mutações")

media_adapt_min = np.mean(adaptabilidade_min_geral, axis=0)
media_adapt_med = np.mean(adaptabilidade_med_geral, axis=0)
media_adapt_max = np.mean(adaptabilidade_max_geral, axis=0)

plotar_adaptabilidade(media_adapt_min, media_adapt_med,
media_adapt_max)

# Configurações e execução dos experimentos
qtd_experimentos = 100
tamanho_populacao = 100
qtd_geracoes = 10
taxa_mutacao = 5 # Taxa de mutação para a distribuição de Poisson
s = 0.8 # Fator seletivo

executar_experimentos(qtd_experimentos, tamanho_populacao,
qtd_geracoes, taxa_mutacao, s)

```