



USO DE DNA BARCODING PARA CONSTRUÇÃO DE FILOGENIA MOLECULAR APLICADA AO ENSINO DAS RELAÇÕES ENTRE OS PRINCIPAIS GRUPOS ANIMAIS

BIANCA LAÍS ZIMMERMANN; NALIM MARIA GHENO; JULIA HOLZ; ISABELLY DE
OLIVEIRA MALLMANN; JULIA DAIANE ZILIO

Introdução: Diferentes sistemas de classificação dos organismos têm sido elaborados desde a antiguidade, os quais têm sido alterados ou reorganizados em função do contexto histórico e das compreensões prevalentes sobre os seres vivos. Todavia, a aceitação da teoria evolutiva deixa claro que as relações de parentesco entre as espécies constituem o critério mais apropriado para uma classificação consistente dos organismos. Neste contexto, a utilização de sequências moleculares, tais como *do DNA Barcoding* (um pequeno segmento padronizado do DNA mitocondrial que permite discriminar as espécies de seres vivos), constitui um importante avanço. **Objetivos:** O objetivo deste estudo foi construir e analisar uma filogenia molecular utilizando sequências de *DNA Barcoding* de representantes dos principais grupos animais, a qual poderia ser utilizada para o ensino e compreensão das relações de parentesco neste grupo. **Metodologia:** Estudantes do segundo ano do ensino médio escolheram, aleatoriamente, sequências de DNA dos seguintes grupos animais: anelídeos, artrópodes, cnidários, cordados, equinodermos, molusco, nematódeos, platelmintos e poríferos, provenientes do banco de dados do GenBank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>). As sequências foram alinhadas no programa de MEGA (*Molecular Evolutionary Genetics Analysis*) e foi construída uma árvore filogenética de máxima verossimilhança no mesmo programa. **Resultados:** A filogenia gerada, apesar de utilizar apenas um gene, recuperou corretamente as relações de parentesco entre os principais grupos animais. Isto é, poríferos e cnidários ficaram em uma posição mais basal na árvore, enquanto foram observados agrupamentos entre anelídeos e moluscos, equinodermos e cordados e entre nematódeos e artrópodes. **Conclusão:** A sistemática filogenética é tradicionalmente encarada como um conteúdo complexo e complicado. No entanto, desenvolvemos uma metodologia simples, que pode ser aplicada na educação básica, para ajudar os alunos a entender melhor como os seres se relacionam evolutivamente e como as filogenias são elaboradas.

Palavras-chave: **BIOLOGIA MOLECULAR; RELAÇÕES FILOGENÉTICAS;
ZOOLOGIA; ENSINO; CLASSIFICAÇÃO**