

# **“Letras”, “palavras”, “parágrafos” e “textos”: Como estes termos são comparados a genes em livros didáticos de Biologia?**

**"Letters," "words", "paragraphs," and "texts": How are these terms compared to genes in Biology textbooks?**

**Cristiane de Paula Gouveia<sup>1</sup>, Leila Saddi Ortega<sup>2</sup>, Ronaldo Luíz Nagem<sup>3</sup>, Alexandre da Silva Ferry<sup>4</sup>**

Programa de Pós Graduação em Educação Tecnológica do Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais  
cristianepgouveia.cris@gmail.com<sup>1</sup>

## **Resumo**

A presente pesquisa teve por objetivo analisar comparações potencialmente analógicas em livros didáticos de Biologia a fim de compreender como foram estruturadas pelos autores. Para isto, selecionamos, dentre as coleções de livros didáticos aprovados no PNLD 2015, as seis mais amplamente distribuídas pelo país; identificamos comparações potencialmente analógicas e analisamos, a partir da Teoria do Mapeamento Estrutural proposta por Gentner (1983), quatro comparações com propósitos didáticos diferentes no contexto da genética, mas que continham termos semelhantes no domínio base: “letras”, “palavras”, “parágrafos” e “textos”. A análise destas comparações, segundo as restrições psicológicas de Gentner, permitiu a identificação de duas comparações bem construídas estruturalmente, com consistência estrutural, foco em relação e sistematicidade, contudo, em outras duas comparações percebemos sérios problemas na sua formulação. O mapeamento se mostrou uma ferramenta promissora para análise estrutural das comparações enunciadas em livros didáticos.

**Palavras chave:** analogia, genética, livro didático, mapeamento estrutural

## **Abstract**

The present research aimed to analyze potentially analogical comparisons in Biology textbooks to understand how they were structured by the authors. For this, we selected, among the collections of textbooks approved in PNLD 2015, the six most widely distributed in the country; we identified potentially analogical comparisons, and analyzed four structural comparisons for different didactic purposes in the context of genetics, based on the Structural Mapping Theory proposed by Gentner (1983), but which contained similar terms in the base domain: “letters”, “words”, “paragraphs” and “texts”. The analysis of these comparisons, according to Gentner's psychological constraints, allowed the identification of two well-constructed comparisons structurally, with structural consistency, focus on relation and systematicity, however, in other two comparisons we perceive serious problems in their formulation. Mapping has proved to be a promising tool for structural analysis of comparisons in textbooks.

**Key words:** analogy, genetics, Biology textbooks, structure mapping

## Introdução

O emprego de analogias apresenta-se como um recurso que permite promover a interação entre conhecimento prévio e o novo, dando significado ao conhecimento científico em sua assimilação (MARCELOS & FERRY, 2013). Vários autores têm acentuado sua importância como uma ferramenta valiosa no ensino e na aprendizagem das ciências, bem como dificuldades quanto ao uso, como as apontadas na revisão de Duarte (2005). Diante destas dificuldades, Nagem et al. (2001) e Ferraz & Terrazzan (2003) recomendam que sejam utilizadas estratégias didáticas elaboradas especificamente para o trabalho em sala de aula. Para Terrazzan et al. (2003) os autores de Coleções Didáticas devem antecipar possíveis dificuldades que os alunos-leitores possam ter no estabelecimento de relações entre o domínio desconhecido e o familiar de forma a preparar as analogias para que sejam eficientes recursos de ensino.

No ensino em genética, pesquisadores reconhecem o importante papel cognitivo das analogias no auxílio à compreensão do conhecimento científico, mas também apontam a necessidade de rever o uso destes recursos em sala devido a descobertas da biologia molecular que resultaram em novas perspectivas sobre a estrutura e dinâmica do genoma e dos sistemas celulares, como por exemplo, os genes interrompidos, o *splicing*, a edição de RNAm, dentre outros (GOLDBACH & EL-HANI, 2008; SANTOS & EL-HANI, 2009).

Entendemos ser pertinente compreender a construção das analogias e de outros tipos de comparações, pois, sendo as comparações um recurso cognitivo, as características que a estruturam podem interferir nos processos de ensino e de aprendizagem, e por isso, acreditamos que o estudo das analogias baseado na identificação e distinção entre elementos, atributos e relações, bem como a diferenciação de analogias de outros tipos de comparação possa auxiliar na construção da forma de apresentação destas.

Nesse contexto, decidimos analisar como a abordagem do DNA a partir de analogias é proposta em livros de biologia destinados ao Ensino Médio. Portanto, pretendemos responder a seguinte questão: *como autores de livros didáticos de Biologia utilizam termos como “letras”, “palavras”, “parágrafos” e “textos” ao tratar de genes por meio de comparações para estudantes do Ensino Médio?*

## Referencial Teórico

De acordo com a Teoria do Mapeamento Estrutural de Gentner (1983), uma analogia consiste em um tipo de comparação que envolve relações existentes entre elementos ou atributos desses elementos pertencentes a cada um dos dois domínios comparados – um domínio desconhecido, alvo da compreensão, e um domínio conhecido (base), familiar.

Segundo Gentner (idem), as analogias podem ser distinguidas de outros tipos de comparações, como *similaridades de mera aparência* e *similaridades literais*. De acordo com os trabalhos dessa autora, as analogias se diferem desses dois tipos de similaridades por ter um foco predominantemente relacional, ou seja, as analogias são comparações baseadas nas correspondências entre relações existentes nos domínios comparados.

No mapeamento de uma analogia, Gentner & Markman (1997) citam três restrições psicológicas que nós compreendemos como aspectos úteis para caracterizar as comparações: consistência estrutural, foco relacional e sistematicidade. Primeiramente a analogia deve ser estruturalmente consistente, ou seja, os elementos constituintes dos domínios comparados

devem apresentar correspondência um a um, e as relações em correspondência devem apresentar conectividade em paralelo. A conectividade paralela requer que as relações correspondentes possuam argumentos correspondentes, e a correspondência um a um limita qualquer elemento de um domínio a, no máximo, um elemento do outro domínio. A segunda restrição que caracteriza as analogias é o foco relacional. Ou seja, nas analogias as correspondências entre relações são mais importantes, cognitivamente, do que as correspondências entre predicados descritivos, tais como forma, cor, tamanho, aparência. A sistematicidade, como terceira restrição, é percebida pela possibilidade da comparação envolver relações interconectadas ou conter relações isoladas, ou seja, constituídas apenas por atributos dos elementos ou relações simples de primeira ordem. As comparações que envolvem relações interconectadas são consideradas mais sistemáticas do que aquelas que possuem relações isoladas.

## Metodologia

A seguir apresentamos as etapas que compõem a sequência metodológica que desenvolvemos para análise das comparações nos livros didáticos: (i) seleção de livros didáticos, (ii) seleção de temas, (iii) identificação das comparações de nosso interesse, (iv) mapeamento estrutural das comparações identificadas, e (v) análise das características estruturais das comparações mapeadas (consistência, foco e sistematicidade).

## Seleção dos livros

Primeiramente selecionamos seis coleções de livros didáticos de Biologia, aprovados no Programa Nacional do Livro Didático para o triênio 2015, 2016 e 2017 (PNLD 2015/2017), com maior distribuição nacional segundo o FNDE (Fundo Nacional de Desenvolvimento da Educação). A tabela 1 apresenta as coleções selecionadas com os códigos para identificação dos livros didáticos analisados neste trabalho.

LIVRO	TÍTULO	AUTORES	EDITORA	ANO	EDIÇÃO
A	Biologia Hoje	Sérgio Linhares e Fernando Gewandszajder	Ática	2014	2ª
B	Biologia em Contexto	José M. Amabis e Gilberto R. Martho	Moderna	2013	1ª
C	Biologia	Vivian L. Mendonça	AJS	2013	2ª
D	Bio	Sônia Lopes e Sérgio Rosso	Saraiva	2013	2ª
E	Ser Protagonista	Vários autores. Organizadora Editora SM	SM	2013	2ª
F	Biologia	César S. Júnior, Sezar Sasson e Nelson C. Júnior	Saraiva	2013	11ª

Tabela 1: As seis coleções de Livros didáticos de Biologia aprovados no PNLD-2015/2017 com maior distribuição segundo o FNDE.

## Seleção do tema e das comparações

Fizemos uma leitura integral dos capítulos e seções dos livros didáticos para identificação de trechos que apresentavam comparações relacionadas às propriedades e processos que ocorrem com os genes. Destas, selecionamos quatro comparações, todas localizadas em coleções

diferentes, em que empregaram algum dos termos “letras”, “palavras”, “parágrafos” e “textos” a fim de estabelecer correspondências aos conteúdos de genética.

Após identificação, seleção e transcrição dos trechos, realizamos a identificação dos domínios base e alvo de cada comparação, e atribuímos, conforme o contexto da comparação, o provável propósito dos autores para o seu estabelecimento. Em seguida, mapeamos estruturalmente cada comparação selecionada conforme nosso referencial e o padrão de representação das correspondências apresentado a seguir.

### Padrão de Representação do Mapeamento Estrutural

O padrão de representação das correspondências entre os domínios das comparações analisadas em nossa pesquisa foi desenvolvido originalmente por Ferry & Paula (2015). Estes autores analisaram estruturalmente analogias enunciadas por um professor de Química, e, para isto, produziram um padrão de representação baseado na Teoria do Mapeamento Estrutural de Gentner (1983), descrito na tabela 2.

DOMÍNIO BASE	REPRESENTAÇÃO DAS CORRESPONDÊNCIAS	DOMÍNIO ALVO
<b>Elemento análogo</b>	$E_n$ ↔	<b>Elemento alvo</b>
Um dos elementos que compõem o DB	<i>Correspondências entre elementos (E)</i>	Um dos elementos que compõem o DA
<b>Atributo do elemento análogo</b>	$A_n$ ↔	<b>Atributo do elemento alvo</b>
Predicado de um elemento do DB baseados em uma única característica	<i>Correspondências entre atributos (A)</i>	Predicado de um elemento do DA baseados em uma única característica
<b>Relações de 1ª ordem</b>	$r_n$ ↔	<b>Relações de 1ª ordem</b>
Relações entre dois ou mais elementos e atributos do DB ou a relação destes entre si	<i>Correspondências entre relações de menor complexidade (r)</i>	Relações entre dois ou mais elementos e atributos do DA ou a relação destes entre si
<b>Relações de ordem superior</b>	$R_n$ ↔	<b>Relações de ordem superior</b>
Relações estabelecidas entre relações já previamente postuladas do DB	<i>Correspondências entre relações de maior complexidade (R)</i>	Relações estabelecidas entre relações já previamente postuladas do DA

Tabela 2: Padrão de representação das correspondências estruturais no mapeamento das similaridades envolvidas numa comparação. Fonte: Ferry & Paula (2015).

Na tabela 2 as correspondências estão representadas com setas bidirecionais. Ferry & Paula (2015) orientam, primeiramente, o alinhamento dos elementos colocados em correspondência ( $E_n$ ), seguido pelo alinhamento dos atributos relevantes desses elementos ( $A_n$ ), e pelo

alinhamento das relações de primeira ordem ( $r_n$ ) e das relações de ordem superior ( $R_n$ ). O símbolo “n” representa a quantidade de elementos, atributos e relações.

Somente foi realizado o mapeamento de comparações na qual observamos pelo menos dois elementos em correspondência. Expressões de caráter metafórico, como no trecho “sequência de *letras* químicas que compõem a informação genética”, não foram analisadas neste trabalho.

A validação do mapeamento foi realizada com a participação de três professores de Biologia e um professor de Química. Após a validação triangulada, analisamos as características estruturais de consistência estrutural, foco e sistematicidade, descritas por Gentner & Markman (1997).

## Resultados e Discussão

A partir da leitura integral das seções e capítulos que abordavam o tema de nosso interesse, identificamos quatro comparações relacionadas à constituição do gene e aos processos de transcrição e tradução que associam os genes, os nucleotídeos ou as bases nitrogenadas a termos como “frases”, “letras”, “parágrafos” e “textos”. Estes termos foram utilizados em diferentes contextos didáticos, conforme demonstra os dados apresentados na tabela 3.

Livro	Domínio Base	Domínio Alvo	Propósito Didático
A	Letras / Frases	Bases / Genes	Discutir a diferença entre dois genes
B	Texto / Trechos sem significado	Genes / Íntrons	Evidenciar a presença de íntrons e éxons no gene
C	Letras / Idioma	Nucleotídeos/Sequência (DNA e RNA)	Relacionar a semelhante natureza dos ácidos nucléicos, DNA e RNA a partir da explicação do processo de transcrição.
F	Palavras / Objetos	Trinca de bases / Aminoácido	Código genético, tradução

Tabela 3: Comparações que associam os genes, os nucleotídeos ou as bases nitrogenadas (domínio alvo) a termos como “frases”, “letras”, “parágrafos” e “textos” (domínio base).

### Comparação do livro A

Reproduzimos a seguir o trecho do livro A no qual encontramos a primeira comparação. O contexto da apresentação dessa comparação nos permitiu inferir que o propósito didático do autor desse livro consistiu em discutir a diferença entre genes, que pode estar, dentre outras, no número e sequência das bases. O mapeamento estrutural dessa comparação, apresentado na tabela 4, nos ajuda a compreender esse propósito.

[...] De forma simplificada, podemos dizer que a diferença entre dois genes está no número e na sequência de bases de cada um (mas você verá adiante que essa diferença é mais complexa). Essa sequência pode ser comparada a uma “frase” em código escrita com quatro “letras” (as quatro bases do DNA: A, T, C, G), que simboliza a informação genética responsável por uma molécula de RNA. Mudando o número e a sequência de bases, alteramos a “frase”. (Trecho do livro A, p. 147)

DOMÍNIO BASE	CORRESPONDÊNCIA	DOMÍNIO ALVO
Letras	$E_1$ ←→	Bases nitrogenadas
Frases	$E_2$ ←→	Genes (sequência ou informação genética)

Número (quantidade) de letras	$A_1 (E_1)$ ↔	Número (quantidade) de bases nitrogenadas
Sequência das letras	$A_2 (E_1)$ ↔	Sequência das bases nitrogenadas
As frases são compostas de letras.	$r_1 (E_1, E_2)$ ↔	Os genes são compostos de bases nitrogenadas.
Alterando-se o número e a sequência de letras, alteram-se as frases.	$R_1 (A_1, A_2, r_1)$ ↔	Alterando o número e a sequência de bases nitrogenadas, alteram-se os genes.

Tabela 4: Mapeamento Estrutural entre letras/frases e bases/genes.

O mapeamento estrutural, apresentado na tabela 4, indicou que a comparação, estabelecida no livro A, envolveu dois (2) elementos, uma (1) relação de primeira ordem, dois (2) atributos do primeiro elemento e uma (1) relação de segunda ordem envolvendo esses dois atributos e a relação  $r_1$ . Tal mapeamento nos permite afirmar que o autor do livro A utilizou os termos “letras” e “frases” como domínio base familiar aos estudantes para estabelecer uma comparação estruturalmente consistente a respeito da composição dos genes.

Embora a quantidade de atributos colocados em correspondência tenha sido igual à quantidade de relações mapeadas, a relevância dada pelo autor às relações que nós deduzimos em função do contexto da comparação, nos permite afirmar que o seu foco é, de fato, relacional. Em outras palavras, podemos dizer que a comparação estabelecida pelo autor não se configura como uma similaridade de mera aparência. Do mesmo modo, podemos dizer que essa comparação não se configura como similaridade literal, pois entre os domínios certamente há uma série de atributos não compartilhados.

Dados os argumentos codificados no interior de cada uma das relações mapeadas, tanto na relação de primeira ordem ( $r_1$ ) quanto na de segunda ordem ( $R_1$ ), podemos também dizer que se tratam de relações de ordem estrutural, uma vez que elas nos permitem conceber os elementos e seus atributos organizados na estrutura dos domínios comparados. De fato, a união de letras do alfabeto formam palavras, que unidas formam frases, que unidas formam parágrafos, que unidos formam textos, assim como, a união de bases nitrogenadas (a outros compostos – pentose e grupo fosfato) formam os nucleotídeos, que unidos três a três formam os códons, que unidos formam os genes e isto pode facilitar o entendimento pelos estudantes. A presença de uma relação de ordem superior construída a partir de uma relação de primeira ordem evidencia que o entendimento pelo estudante de  $R_1$  depende necessariamente da compreensão de que os genes são compostos por bases nitrogenadas. Todavia, mesmo tendo uma relação de segunda ordem na estrutura dessa analogia, consideramos que a comparação, como foi descrita no livro A, é pouco sistemática. Provavelmente, a inclusão de outros termos que permitissem associar, por exemplo, palavras e parágrafos a nucleotídeos e códons, poderiam tornar a analogia mais sistemática.

### **Comparação do livro B**

No livro B também encontramos o termo “frases”, como no livro A, e outros termos em sentido semelhante para a explicação da estrutura do gene. Neste caso, o uso da comparação “*palavras, frases ou parágrafos sem sentido em determinados pontos de um texto*” teve como a finalidade explicar a presença de íntrons no gene, ou seja, a presença de sequências de nucleotídeos intercalados no DNA que não codificam a sequência de aminoácidos do produto polipeptídico. O trecho a seguir apresenta a comparação estabelecida no livro B.

[...] Nos genes eucarióticos, por outro lado, a sequência de bases do DNA que codifica os aminoácidos está intercalada com sequências que não participam da codificação. É como se introduzíssemos palavras, frases ou parágrafos sem sentido em determinados pontos de um texto; a informação original continua lá, mas interrompida por trechos sem significado, que têm

de ser eliminados da leitura para que a informação seja compreendida.  
 (Trecho do livro **B**, p. 171)

O mapeamento estrutural da comparação identificada nesse trecho do livro **B** está apresentado na tabela 5.

DOMÍNIO BASE	CORRESPONDÊNCIA	DOMÍNIO ALVO
Texto	$E_1$ ←→	Genes
Trechos sem sentido	$E_2$ ←→	Íntrons
Informação	$E_3$ ←→	Segmentos codificantes para a produção de polipeptídeos ou moléculas de RNA.
Presença de trechos sem sentido (como palavras, frases ou parágrafos) em um texto	$r_1(E_1, E_2)$ ←→	Presença de íntrons nos genes
Os trechos precisam ser eliminados para que a informação seja compreendida.	$R_1(r_1, E_3)$ ←→	Os íntrons precisam ser retirados para que a informação genética seja traduzida.

Tabela 5: Mapeamento Estrutural entre texto/trechos e genes/íntrons.

A análise do mapeamento estrutural apresentado na tabela 5 permitiu determinar que essa comparação foi estruturada com três (3) elementos em correspondência, uma (1) relação de primeira ordem e uma (1) relação de segunda ordem. Como a análise não evidenciou nenhum atributo e devido à presença de duas relações, de primeira ordem e de ordem superior, verificou-se que a comparação possui foco relacional.

As duas relações mapeadas são de ordem estrutural, como no livro **A**. Neste caso, porém, a constituição do gene está relacionada à presença de diferentes regiões em sua estrutura: as codificantes, denominadas éxons, e as não codificantes, denominadas íntrons. A partir da relação de primeira ordem ( $r_1$ ), o autor construiu uma relação de ordem superior ( $R_1$ ), na qual ele discutiu parte do processo de *splicing*, que consiste na remoção dos íntrons e posterior ligação dos éxons para formação da sequência contínua de RNAm que será traduzido em polipeptídeo.

No mapeamento da tabela 5 todos os elementos e relações citados no domínio base possuem correspondência um a um com os elementos e relações do domínio alvo, além disto, os argumentos dessas relações apresentam conectividade em paralelo. Com isso, podemos afirmar que a comparação estabelecida no livro **F** é estruturalmente consistente. No entanto, essa comparação possui baixa sistematicidade por conter somente uma relação de ordem superior conectada a relação de primeira ordem. Conforme foi descrita, a comparação está adequada ao propósito didático que nós deduzimos a partir do seu contexto, contudo, o resultado da sistematicidade indica que esta é uma característica estrutural que deve ser observada para que a comparação possa ser melhor explorada. Outras relações interconectadas poderiam ter sido detalhadas, utilizando os mesmos elementos e relações estabelecidos para abordar com mais detalhes o processo de *splicing*.

### Comparação do livro **F**

O autor do livro **F** também utilizou como domínio base o termo “palavras”, como fez o autor do livro **B**. Porém, ao contrário das análises anteriores, o autor utilizou esse termo como correspondente a um “objeto”, com a finalidade de associar as trincas de bases (códon) aos

aminoácidos, conforme o trecho reproduzido a seguir e o mapeamento estrutural que apresentamos na tabela 6.

[...] Cada trinca de bases no DNA ou no RNA é denominada códon; de fato essas trincas representam “palavras” do código genético, e cada “palavra” corresponde a um “objeto”, isto é, a um aminoácido. (Trecho do livro F, p. 50)

DOMÍNIO BASE	CORRESPONDÊNCIA	DOMÍNIO ALVO
Palavras	$E_1$ ←→	Trincas de bases (códon)
Objeto	$E_2$ ←→	Aminoácido
Cada palavra corresponde a um objeto	$r_1(E_1, E_2)$ ←→	Cada trinca de bases (códon) corresponde a um aminoácido

Tabela 6: Mapeamento Estrutural entre palavras/objeto e trinca de bases/aminoácido.

Por meio do mapeamento da tabela 6, identificamos somente uma relação de primeira ordem entre dois (2) elementos colocados em correspondência pelo autor. Não identificamos nenhum atributo relevante na composição dessa comparação. Contudo, consideramos que a relação construída no domínio base dessa comparação não evidencia, com clareza e consistência, a “conexão” entre os seus elementos, e não confere sistematicidade à comparação.

De fato, os códons correspondem à aminoácidos, contudo, em nosso entendimento as palavras não representam necessariamente objetos. Comparações como esta em que as relações não estão claras, deixam a interpretação inteiramente a cargo do leitor. Acreditamos que a intenção do autor consistiu em demonstrar que palavras, como “mesa” e “cadeira”, correspondem a objetos, da mesma forma que trinca de bases correspondem a aminoácidos. Desta forma, a comparação como foi descrita pode parecer sem sentido ou vaga aos estudantes do ensino médio, ou mesmo levar a erros conceituais. É importante ressaltar que este artigo não tem como objetivo discursar no campo da linguística, mas analisar comparações estabelecidas no contexto do ensino de genética em livros didáticos, que, a princípio, deveriam ser construídas a partir de domínios familiares aos estudantes. Neste caso, a premissa de que “cada palavra corresponde a um objeto” se constituiu como uma relação normalmente discutida em disciplinas do nível superior na área de linguagem e semiótica, permitindo explorar conceitos abstratos como significado e significante. Em outras palavras, consideramos que a relação construída no domínio base dessa comparação é demasiadamente abstrata, o que pode dificultar o estabelecimento da correspondência com a relação pretendida no domínio alvo.

### ***Comparação do livro C***

Outra comparação que, segundo nossa análise, também deveria ser revista, foi apresentada no livro didático C com o intuito de explicar o processo de transcrição. No processo de transcrição, um sistema de enzimas converte a informação genética de um segmento de DNA em um filamento de RNA, com uma sequência de bases complementares. Para explicação da semelhante natureza dos dois ácidos nucleicos, as sequências de nucleotídeos do DNA e do RNA são comparados à idiomas, conforme o trecho que nós reproduzimos a seguir e o mapeamento estrutural apresentado na tabela 7:

[...] No processo de transcrição, as “letras” de uma sequência de DNA, que correspondem aos nucleotídeos de A, T, C e G, dão origem a uma sequência

de RNA, que possui outras “letras”: A, U, C, G. Mas, ainda utilizando esta analogia, podemos dizer que o “idioma” continua o mesmo, pois DNA e RNA pertencem ao mesmo grupo de substâncias químicas, os ácidos nucléicos. (Trecho do livro C, p. 226)

DOMÍNIO BASE	CORRESPONDÊNCIA	DOMÍNIO ALVO
Letras ATCG	$E_1$ ←→	Nucleotídeos Adenina, Timina, Citosina e Guanina
Letras AUCG	$E_2$ ←→	Nucleotídeos Adenina, Uracila, Citosina e Guanina
Idioma 1	$E_3$ ←→	DNA
Idioma 2	$E_4$ ←→	RNA
O idioma 1 é constituído pelas letras ATCG	$r_1 (E_3, E_1)$ ←→	O DNA é constituído pelos nucleotídeos Adenina, Timina, Citosina e Guanina
O idioma 2 é constituído pelas letras AUCG	$r_2 (E_4, E_2)$ ←→	O RNA é constituído pelos nucleotídeos Adenina, Uracila, Citosina e Guanina
Os idiomas 1 e 2 são equivalentes (“são os mesmos”)	$R_1 (r_1, r_2)$ ←→	O DNA e o RNA pertencem ao mesmo grupo de substâncias, os ácidos nucléicos.

Tabela 7: Mapeamento Estrutural entre letras/idioma e nucleotídeos/sequência do DNA e RNA.

Por meio de uma análise cuidadosa do trecho transcrito, nós conseguimos mapear quatro (4) elementos, duas (2) relações de primeira ordem e uma (1) relação de segunda ordem em cada domínio da comparação, colocando-as em correspondência. Para estabelecer o mapeamento e compreender as relações presentes na transcrição, diferenciamos os elementos  $E_3$  e  $E_4$  em “idioma 1” e “idioma 2”, respectivamente. Contudo, o autor do livro didático não esboçou qualquer diferenciação entre estes dois elementos, pelo contrário, no livro a descrição é de que “o idioma continua o mesmo”. O uso do termo “idioma” no domínio base para dois correspondentes diferentes no domínio alvo indicam a falta de correspondência um a um entre os elementos. Estes argumentos evidenciam, portanto a falta de consistência estrutural da comparação, o que pode inviabilizar seu entendimento. O foco da comparação não é em atributo, e como a intenção do autor foi estabelecer uma relação, entre a linguagem e as semelhanças entre os ácidos nucléicos, apontamos que o foco é relacional. Apesar da presença de duas relações de primeira ordem conectadas, indicamos que no mapeamento existe uma falta de sistematicidade, devido ao caráter implícito da comparação que não revelou com clareza as entidades apresentadas no mapeamento.

Em nosso entendimento, considerando-se que idioma é a linguagem própria de um grupo, a molécula de DNA apresenta-se representada pelos nucleotídeos adenina, timina, citosina e guanina (A,T,C,G) como linguagem própria, a qual é distinta da linguagem do RNA, composto pelos nucleotídeos adenina, uracila, citosina e guanina (A,U,C,G). Embora o autor tenha dito que DNA e RNA pertencem ao mesmo grupo de substâncias químicas e, por isso, apresentam o mesmo idioma, seguindo a mesma comparação entre linguagem e idioma, em nossa interpretação, consideramos que estas moléculas possuem “idiomas” distintos, contudo, as informações transmitidas pelos dois idiomas são correspondentes. Por exemplo, as terminologias “Sol” e “Sun” são de idiomas diferentes e apresentam a mesma

mensagem/representação. Este é um exemplo de como diferentes interpretações podem surgir quando esta não é explicitada e da necessidade de rever estruturalmente a construção de comparações potencialmente analógicas.

Outra preocupação decorrente de nossa análise é que em nenhuma das quatro comparações foi evidenciada alguma limitação ou restrição à comparação. Este dado corrobora com as conclusões obtidas por Duarte (2005), de que a maioria dos livros não faz referência às limitações das analogias.

## Considerações Finais

Por tudo o que foi exposto, entendemos que o uso do mapeamento contribui no entendimento e na formulação das comparações utilizadas em livros didáticos por possibilitar a clareza de todos os elementos que estão sendo colocados em correspondência, quais são os atributos e relações que estão sendo evidenciados, e se estes atendem às restrições psicológicas.

Além disto, percebemos a importância de que as comparações sejam bem elaboradas e estruturadas para que haja melhor compreensão da entidade de interesse científico pelo discente, diminuindo as possibilidades de haver erros de interpretação.

## Agradecimentos e apoios

Agradecemos pelas contribuições dadas pelo Grupo de Estudos em Analogias e Metáforas na Educação, na Tecnologia e na Ciência (GEMATEC) e pelo grupo de pesquisa AMTEC do CEFET-MG e ao apoio financeiro concedido pelo CEFET-MG.

## Referências

- DUARTE, M. C. Analogias na educação em ciências contributos e desafios. *Investigações em Ensino de Ciências*. v. 10, n. 1, p. 7-29, 2005.
- FERRAZ, D. F.; TERRAZZAN, E. A. Uso espontâneo de analogias por professores de Biologia e o uso sistematizado de analogias: que relação? *Ciência & Educação* (Bauru), v. 9, n. 2, p. 213-227, 2003.
- FERRY, A. S.; PAULA, H. F. Mapeamento estrutural de analogias e outras comparações em uma sala de aula de Química. In: *Encontro Nacional de Pesquisas em Educação em Ciências* (ENPEC), X. Águas de Lindóia, SP, 24 a 27 de novembro de 2015.
- GENTNER, D. Structure-Mapping: a Theoretical Framework for Analogy. *Cognitive Science*, v. 7, p. 155–170, 1983.
- GENTNER, D. & MARKMAN, A. B. Structure Mapping in Analogy and Similarity. *The American Psychological Association*, v. 52, n. 1, p. 45-56, 1997.
- GOLDBACH, T.; EL-HANI, C. N.. Entre Receitas, Programas e Códigos: Metáforas e Idéias Sobre Genes na Divulgação Científica e no Contexto Escolar. *Revista de Educação em Ciências e Tecnologia*, Alexandria, v. 1, n. 1, p.153-189, mar. 2008.
- MARCELOS, M. F. & FERRY A. S. A metodologia de ensino com analogias (MECA) aplicada ao ensino de evolução: a árvore da vida de Charles Darwin. In: *IX Congreso Internacional Sobre Investigación Em Didáctica De Las Ciencias*, Girona. Enseñanza de lãs Ciencias, p. 2114-2119, 2013.
- NAGEM, R. L.; CARVALHAES, D. O. & DIAS, J. A. Y. T. Uma proposta de Metodologia de Ensino com Analogias. *Revista Portuguesa de Educação*, v. 14, n. 1, p. 197-213, 2001.

TERRAZZAN, E. A.; BUSKE, R.; METKE, J.; PIMENTEL, N. L.; SILVA L. L. da; GAZOLA, C. D.; FREITAS, D. S. O uso de analogias em coleções didáticas de física, química e biologia segundo o “estilo dos autores e a “natureza” do tópico conceitual. In: *Encontro Nacional de Pesquisas em Educação em Ciências* (ENPEC), IV, Bauru/SP. Anais do IV Encontro Nacional de Pesquisa em Educação em Ciências, 2003.

SANTOS, V. C.; EL-HANI, Charbel Niño. Idéias sobre genes em livros didáticos de biologia do ensino médio publicados no Brasil. *Revista Brasileira de Pesquisa em Educação em Ciências*, v. 9, n1, 2009.