

**CENTRO FEDERAL DE EDUCAÇÃO TECNOLÓGICA DE MINAS GERAIS**

Cristiane de Paula Gouveia

**POTENCIALIDADES E LIMITAÇÕES DO MODELO DIDÁTICO *HAPLOID-BOOK*  
PARA O ENSINO DE GENÉTICA**

Belo Horizonte

2018

Cristiane de Paula Gouveia

**POTENCIALIDADES E LIMITAÇÕES DO MODELO DIDÁTICO *HAPLOID-BOOK*  
PARA O ENSINO DE GENÉTICA**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Educação Tecnológica do Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais como requisito parcial para a obtenção do título de mestre em Educação Tecnológica.

Orientador: Prof. Dr. Ronaldo Luiz Nagem  
Coorientadora: Prof<sup>a</sup>. Dr<sup>a</sup>. Leila Saddi Ortega

Linha de Pesquisa: Práticas Educativas em Ciência e Tecnologia

Belo Horizonte

2018

G565p Gouveia, Cristiane de Paula  
Potencialidades e limitações do modelo didático Haploid-book para o ensino de genética. / Cristiane de Paula Gouveia. -- Belo Horizonte, 2018.  
170 f. : il.

Dissertação (mestrado) – Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais, Programa de Pós-Graduação em Educação Tecnológica, 2018.

Orientador: Prof. Dr. Ronaldo Luiz Nagem  
Coorientadora: Profa. Dra. Leila Saddi Ortega

#### Bibliografia

1. Ensino - Metodologia. 2. Analogia - Metáfora. 3. Genética - Ensino. I. Nagem, Ronaldo Luiz. II. Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais. III. Título

CDD 371.3



**CENTRO FEDERAL DE EDUCAÇÃO TECNOLÓGICA DE MINAS GERAIS**  
DIRETORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM EDUCAÇÃO TECNOLÓGICA - PPGET  
Portaria MEC n°. 1.077, de 31/08/2012, republicada no DOU em 13/09/2012

Cristiane de Paula Gouveia

“Potencialidades e limitações do modelo didático *Haploid-book* para o ensino de Genética”

Dissertação apresentada ao Curso de Mestrado em Educação Tecnológica do Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais - CEFET-MG, em 12 de abril de 2018, como requisito parcial para obtenção do título de Mestre em Educação Tecnológica, aprovada pela Comissão Examinadora de Defesa de Dissertação constituída pelos professores:

Prof. Dr. Ronaldo Luiz Nagem - Orientador  
Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais

Prof.ª Dr.ª Leila Saddi Ortega  
Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais

Prof. Dr. Alexandre da Silva Ferry  
Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais

Prof. Dr. Charbel Nino El-Hani  
Universidade Federal da Bahia

*Dedico esta dissertação à minha família!  
Aos meus pais, Gorete e Geraldo, por todo o amor, carinho e incentivo. Às minhas irmãs, cunhados e sobrinho, pessoas a quem sempre posso contar, mesmo em períodos quando estamos distantes. E ao meu esposo, Cristiano, pelo companheirismo.*

## AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente à Deus por ter colocado em meu caminho tantas pessoas especiais e iluminadas que me cercaram neste tempo dedicado aos estudos.

Ao meu orientador, professor Ronaldo Nagem, pela oportunidade que me foi dada de ingressar no mestrado, pelos ensinamentos valiosos durante as aulas e em nossas reuniões de orientação, em especial pelos ensinamentos de coragem para que eu pudesse enfrentar meus medos.

À minha coorientadora e amiga Leila Ortega, por seu enorme carinho, profissionalismo e dedicação a este trabalho. Obrigada por estar presente ao meu lado em todas as etapas do mestrado e pela confiança depositada!

Aos amigos e colegas do GEMATEC por todos os momentos produtivos compartilhados durante as aulas e em nossos cafés.

Ao professor Alexandre Ferry pelas aulas no GEMATEC que inspiraram este trabalho e pela motivação à pesquisa.

Aos professores José Pedrosa, Maria Adélia, Ivo Ramos, Camila Castro e Samuel Gonçalves pela dedicação e contribuições em meu projeto de pesquisa.

Aos professores e aos estudantes participantes desta pesquisa que doaram seu tempo e compartilharam seu conhecimento.

Aos meus amigos do curso de mestrado, em especial a Érica Portela, Gláucia Murta, Rangel Almeida, Rita Matusso, Maria Fernanda e Fernanda Leroy com os quais tive oportunidade de conviver e compartilhar esta caminhada.

Aos profissionais do CEFET-MG que deram todo apoio para a realização da defesa de dissertação, em especial à direção, à equipe do Núcleo de Tecnologia da Informação e Comunicação (NTIC) e de manutenção e ao Secretário Narlisson do curso de Mestrado em Educação, todos do campus II.

Aos amigos da Secretaria de Registro e Controle Acadêmico do CEFET-MG, pela força, pelas conversas e por tornarem este tempo do mestrado mais alegre.

À minha sogra Graça pelo cuidado e ajuda.

À minha mãe Gorete, meu pai Geraldo, minhas irmãs Viviane e Clarice, meu sobrinho Júlio, meus cunhados Edson e Ricardo e meu esposo Cristiano pelos conselhos, incentivos, dicas e por todo o carinho de sempre.

*“Quando o espírito se apresenta ante a cultura científica, nunca é jovem. Aliás, é bem velho, por que tem a idade de seus preconceitos. Acender à ciência é rejuvenescer espiritualmente, é aceitar uma brusca mutação que contradiz o passado”.*

Bachelard (1996)

## RESUMO

O objetivo desta pesquisa foi analisar as características do modelo didático *Haploid-book*, proposto para o ensino de Genética no ensino médio, a fim de compreender as suas potencialidades e as suas limitações. Este modelo didático é baseado em analogia enquanto relações estabelecidas entre um domínio base e um domínio alvo. A metodologia tem por base a Teoria do Mapeamento Estrutural, a Metodologia de Ensino com Analogias e as múltiplas abordagens do conceito de gene descritas em literatura. Os procedimentos metodológicos consistiram na coleta de dados realizada a partir das seguintes etapas: aplicação de um roteiro de atividades sobre o *Haploid-book*; questionário; oficina e um quadro construído a partir da Teoria do Mapeamento Estrutural. Os resultados obtidos no mapeamento evidenciaram as correspondências entre o *Haploid-book* e o cariótipo, bem como foi possível compreender as suas potencialidades, por meio de 18 relações descritas e a distinção de 4 limites do modelo didático. A análise deste mapeamento mostrou ainda que o modelo didático possui foco relacional, é estruturalmente consistente e tem alta sistematicidade. Além da análise do mapeamento estrutural, nossa pesquisa discutiu os conceitos de genes identificados no *Haploid-book* pelos participantes da pesquisa, que foram o gene-P, o gene mendeliano e o gene informacional. Entre esses conceitos, o gene-P foi o mais percebido, reforçando como característica do modelo didático o gene como determinante na manifestação do fenótipo e o foco na transmissão genética. Diante disto, percebemos ser necessário que o uso do *Haploid-book* seja acompanhado de metodologias que possibilitem reflexão, discussão e crítica ao determinismo genético, a exemplo da Metodologia de Ensino com Analogias que possui etapas como a discussão de semelhanças e diferenças, e reflexão de limites da analogia e também, que seja incluída uma discussão sobre modelos com uma abordagem histórica-filosófica para que não ocorra uma sobreposição entre visões clássicas e atuais no ensino. Esperamos que esta pesquisa contribua no ensino de Ciências, especialmente na discussão e reflexão das abordagens do conceito de gene, no auxílio ao uso sistematizado das analogias e dos modelos analógicos utilizados no ensino de Genética, bem como no auxílio a pesquisas com modelos baseados em analogias.

**Palavras chave:** Ensino de genética, Modelo didático, Analogia, Mapeamento Estrutural, Metodologia de Ensino com Analogias.

## ABSTRACT

The objective of this research was to analyze the characteristics of the didactic model *Haploid-book*, proposed for the teaching of Genetics in high school, in order to understand its potentialities and its limitations. This didactic model is based on analogy as relations established between a base domain and a target domain. The methodology is based on Structural Mapping Theory, Teaching Methodology with Analogies and the multiple approaches of the concept of gene described in the literature. The methodological procedures consisted of the collection of data made from the following steps: application of a script of activities on the *Haploid-book*; quiz; workshop and a framework built from the Structural Mapping Theory. The results obtained in the mapping evidenced the correspondences between the *Haploid-book* and the cariotip, and it was possible to understand its potentialities, by means of 18 described relations and the distinction of 4 boundaries of the didactic model. The analysis of this mapping also showed that the didactic model has relational focus, is structurally consistent and has high systematicity. In addition to the structural mapping analysis, our research discussed the concepts of genes identified in the *Haploid-book* by the research participants, which were the gene-P, the Mendelian gene and the informational gene. Among these concepts, the gene-P was the most perceived, reinforcing as characteristic of the didactic model the gene as determinant in the manifestation of the phenotype and the focus on genetic transmission. In view of this, we realized that it is necessary for the use of the *Haploid-book* to be accompanied by methodologies that allow for reflection, discussion and criticism of genetic determinism, such as the Methodology of Teaching with Analogies that has stages such as the discussion of similarities and differences, limits of the analogy and also that a discussion of models with a historical-philosophical approach be included so that there is no overlap between classical and current views in teaching. We hope that this research contributes to the teaching of science, especially in the discussion and reflection of the approaches of the concept of gene, in the aid to the systematized use of the analogies and the analogical models used in the teaching of Genetics, as well as in the aid to researches with models based on analogies.

**Keywords:** Teaching of genetics, Didactic model, Analogy, Structural Mapping, Teaching Methodology with Analogies.

## LISTA DE FIGURAS

Figura 1– Imagem fotográfica de pares de livros denominados <i>Haploid-books</i> . .....	20
Figura 2 – Descrições fenotípicas para tipo e largura de sobrancelha presentes em uma página de dois <i>Haploid-books</i> distintos (ovócito tipo C) e (espermatozoide tipo A). .....	21
Figura 3 – Modelo <i>Haploid-book</i> : ovócito reestruturado.....	53
Figura 4 – Modelo <i>Haploid-book</i> : espermatozoide reestruturado.....	54
Figura 5– Representações fenotípicas, desenhadas por professores, a partir da combinação aleatória de dados presentes em diferentes tipos de <i>Haploid-books</i> . .....	68
Figura 6 – Ilustração presente no roteiro de atividades que contém a seguinte metáfora: “Os gametas feminino e o masculino, cada um portando livros, se unem e formam um indivíduo que carrega ambos os livros”.....	69

## LISTA DE GRÁFICOS

Gráfico 1– Escolaridade dos participantes da pesquisa.....	60
Gráfico 2– Tempo de experiência na docência dos participantes da pesquisa.....	61
Gráfico 3– Atuação dos participantes da pesquisa no Ensino Básico. ....	61
Gráfico 4 – Tipo de Escola em que os participantes da pesquisa atuaram: pública e/ou privada. .....	61
Gráfico 5 – Conceitos de genes relacionados ao modelo <i>Haploid-book</i> , segundo participantes da pesquisa.....	81
Gráfico 6– Grupos de conceitos de genes identificados no modelo <i>Haploid-book</i> por professores.....	84
Gráfico 7– Conceito de gene que sobressaiu no <i>Haploid-book</i> , segundo professores.....	85
Gráfico 8– Quantidade de participantes que concordaram totalmente, concordaram parcialmente, discordaram parcialmente, discordaram totalmente, em cada correspondência (afirmativa) entre o modelo <i>Haploid-book</i> e o cariótipo estabelecida no questionário.....	86
Gráfico 9 – Concordância ou discordância, segundo professores, de conceitos de genética que podem ser abordados pelo modelo <i>Haploid-book</i> . ....	97

## LISTA DE QUADROS

Quadro 1: Relação de termos que são comparados ao DNA e seus respectivos propósitos didáticos, identificados em livros didáticos de Biologia. ....	28
Quadro 2 – Metodologia de Ensino com Analogias (MECA).....	33
Quadro 3 – Tipos de comparações descritas por Gentner (1983).....	37
Quadro 4 – Etapas da pesquisa, instrumentos de coleta de dados, aspectos pesquisados em cada etapa e participantes. ....	45
Quadro 5 – Conceitos de genes abordados no questionário, sua respectiva descrição em cada alternativa e classificação, segundo os modelos de função gênica.....	50
Quadro 6 – Padrão de representação das correspondências estruturais desenvolvido para análise de modelos didáticos. ....	55
Quadro 7 – Critérios utilizados na pesquisa para análise do nível de sistematicidade.....	59
Quadro 8– Semelhanças entre o Modelo <i>Haploid-book</i> e o DNA, de acordo com os estudantes participantes do teste piloto. ....	63
Quadro 9 – Diferenças entre o Modelo <i>Haploid-book</i> e o DNA, de acordo com os estudantes participantes do teste piloto. ....	64
Quadro 10– Comparação entre o roteiro de atividades original e o roteiro adaptado, após validação, segundo a Metodologia de Ensino com Analogias (MECA) .....	65
Quadro 11– Fenótipo resultante da combinação entre os modelos didáticos: <i>Haploid-book</i> ovócito A e <i>Haploid-book</i> espermatozoide A. ....	68
Quadro 12 – Associação pelos professores de uma metáfora (união de dois gametas “carregando” livros) presente no roteiro de atividades com conteúdos de genética. ....	70
Quadro 13– Associação pelos professores entre a imagem de um indivíduo carregando dois livros e a representação do cariótipo. ....	72
Quadro 14– Semelhanças entre o Modelo <i>Haploid-book</i> e o cariótipo citadas pelos professores.....	73
Quadro 15– Diferenças entre o Modelo <i>Haploid-book</i> e o cariótipo citadas pelos professores. ....	75
Quadro 16– Outros modelos para o ensino de cariótipo descritos pelos participantes. ....	78
Quadro 17– Outras potencialidades para o <i>Haploid-book</i> sugeridas pelos professores.....	99
Quadro 18– Limitações do uso do <i>Haploid-book</i> , descritas no roteiro como “conflitos” ou “conceitos inadequados” pelos professores. ....	100

Quadro 19 – Mapeamento estrutural das correspondências entre os <i>Haploid-Books</i> (Representante) e o cariótipo humano (Representado).....	103
Quadro 20 – Comparativo entre correspondências obtidas por Gouveia <i>et al.</i> (2015) e o presente estudo. ....	114

## LISTA DE SIGLAS E ABREVIATURAS

AMTEC	Analogias e Metáforas na Tecnologia, na Educação e na Ciência
CEFET-MG	Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais
DA	Domínio Alvo
DB	Domínio Base
ENPEC	Encontro Nacional de Pesquisa em Educação em Ciências
GEMATEC	Grupo de Estudos em Metáforas, Modelos e Analogias na Tecnologia, na Educação e na Ciência
LASERA	Latin American Journal of Science Education
MECA	Metodologia de Ensino com Analogia
META	Mostra Específica de Trabalhos e Aplicações
OMIM	Online Mendelian Inheritance in Man
PIBIC-Jr	Programa Institucional de Bolsas de Iniciação Científica Júnior
PUC-Minas	Pontifícia Universidade Católica de Minas Gerais
Semana C & T	Semana de Ciência e Tecnologia
SENEPT	Seminário Nacional de Educação Profissional e Tecnológica
UFMG	Universidade Federal de Minas Gerais

-

## SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO.....	15
1.1 Apresentação da pesquisadora e incentivo para a pesquisa.....	15
1.2 Motivação para o tema desta pesquisa.....	16
1.3 Objetivos, problema e questões norteadoras.....	17
1.4 Objeto da pesquisa: <i>Haploid-book</i> .....	19
1.5 Justificativa.....	22
2 REVISÃO DA LITERATURA.....	24
2.1 Ensino de Genética.....	24
2.2 Analogias e metáforas no ensino.....	25
2.3 Modelo didático.....	29
2.3.1 Modelos e modelagem.....	31
3 REFERENCIAL TEÓRICO.....	33
3.1 Metodologia de Ensino com Analogias (MECA).....	33
3.2 Teoria do Mapeamento Estrutural.....	35
3.3 As múltiplas abordagens sobre o termo “Gene”.....	39
4 METODOLOGIA.....	44
4.1 Considerações iniciais.....	44
4.2 Sequência metodológica, instrumentos de coleta de dados e participantes.....	44
4.3 Análise dos instrumentos de pesquisa.....	47
4.3.1 1ª Parte da sequência metodológica de análise: caracterização do modelo didático.....	47
4.3.2 2ª parte da sequência metodológica de análise: Mapeamento Estrutural.....	55
4.3.3 3ª parte da sequência metodológica de análise: restrições estruturais.....	57
5 RESULTADOS, ANÁLISES E DISCUSSÕES.....	60
5.1 Perfil dos participantes.....	60
5.2 Caracterização do contexto de representação do modelo didático.....	62
5.2.1 O roteiro de atividades.....	62

5.2.2 Questionário .....	79
5.2.3 Oficina .....	101
5.3 Mapeamento Estrutural.....	103
5.3.1 Mapeamento Estrutural do <i>Haploid-book</i> .....	103
5.3.2 Análise das limitações, das potencialidades e das restrições estruturais.....	108
6 PERSPECTIVAS SOBRE O USO DO <i>HAPLOID-BOOK</i> EM SALA .....	116
7 CONSIDERAÇÕES FINAIS .....	118
REFERÊNCIAS .....	120
APÊNDICES .....	127
APÊNDICE A – Termo de consentimento livre e esclarecido .....	127
APÊNDICE B – Roteiro de atividades .....	129
APÊNDICE C – Questionário .....	133
APÊNDICE D - Oficina .....	138
ANEXO .....	142
ANEXO A- Artigo ENPEC (2017) .....	142
ANEXO B - Resumo SENEPT (2017) .....	154
ANEXO C - Artigo LASERA (2015).....	157

# 1 INTRODUÇÃO

## 1.1 Apresentação da pesquisadora e incentivo para a pesquisa

A formação acadêmica de educadora, a experiência profissional na pesquisa e no magistério e a atual atividade profissional como técnica administrativa em Educação Tecnológica corroboram o meu interesse em temas relacionados à educação, em especial à Pesquisa em Educação.

Durante o curso de graduação em Ciências Biológicas na Pontifícia Universidade Católica de Minas Gerais (PUC-Minas), realizada no período de 2003 a 2007, realizei estágios em escola da rede municipal de ensino de Belo Horizonte e no Centro de Pesquisas René Rachou. Neste último, trabalhei com pesquisas, no período de fevereiro a junho de 2007, e contribuí em um projeto de pesquisa que estudou o sequenciamento do gene codificador da região II da proteína de ligação ao antígeno Duffy, de *Plasmodium vivax*, importante na invasão dos glóbulos vermelhos. Esta pesquisa foi tema da minha monografia, defendida em junho de 2007, como requisito para o grau de bacharel em Ciências Biológicas.

Com os títulos de Bacharel e Licenciada em Ciências Biológicas, lecionei as disciplinas Ciências e Biologia, durante quatro anos, para estudantes do Ensino Fundamental e Médio, em escolas públicas. A maior parte do tempo foi dedicada aos estudantes do Ensino Fundamental e foi neste período, a partir de dúvidas de estudantes, como curiosidades sobre testes de paternidade, que comecei a refletir acerca dos recursos e metodologias utilizadas no ensino de Genética.

No início de 2015, tive oportunidade de participar de palestras no Grupo de Estudos em Metáforas, Modelos e Analogias na Tecnologia, na Educação e na Ciência (GEMATEC) e discutir os resultados de algumas pesquisas dessa temática. Alguns desses resultados apareceram em várias palestras como, por exemplo, a constatação de que as analogias são pouco exploradas pelos professores e pelos livros didáticos. Nessas discussões, alguns questionamentos despertaram a minha atenção:

- Quais analogias são utilizadas na abordagem do tema genética?
- Que metodologias permitem analisar as potencialidades de uma comparação?
- A modelagem analógica pode facilitar a assimilação e a acomodação de conceitos de genética pelos discentes?

O presente estudo não pretende responder às perguntas acima, contudo foi a reflexão sobre estas e outras questões que auxiliaram na construção do problema de pesquisa.

Além da pesquisa para a obtenção do título de mestra, durante o período dedicado ao mestrado, também foram realizados estudos complementares em que analisamos analogias presentes no conteúdo de genética em livros didáticos de Biologia, do PNLD 2015/2017, para o ensino médio. Os resultados destes estudos foram apresentados no V Seminário Nacional de Educação Profissional e Tecnológica (SENEPT) realizado em Belo Horizonte no CEFET-MG e no XI Encontro Nacional de Pesquisa em Educação em Ciências (ENPEC) realizado em Florianópolis na Universidade Federal de Santa Catarina. No SENEPT, o estudo visou a identificar e a descrever as comparações referentes às características do DNA a fim de perceber a diversidade de domínios bases aos quais os autores relacionam este ácido nucleico. No ENPEC, o estudo teve como objetivo analisar comparações potencialmente analógicas que tinham como domínio base termos como “palavras”, “frases”, “parágrafos” e “textos” para a compreensão do domínio alvo gene, em livros didáticos de Biologia a fim de compreender como estas comparações foram estruturadas pelos autores. Ambos os trabalhos seguem em anexo nesta dissertação, a partir da página 142.

## **1.2 Motivação para o tema desta pesquisa**

Conforme mencionado, a motivação iniciou em 2008 durante uma aula de ciências em que lecionava. O conteúdo dessa aula era a presença de material genético nos seres vivos. Um aluno questionou sobre como ocorre um teste de paternidade e na tentativa de explicar o que é o DNA e qual a sua função no organismo, comparei de forma espontânea o DNA a um livro que contém as informações do indivíduo. Além disso, usando a mesma comparação, expus que cada livro carrega as informações vindas dos gametas sexuais - masculino e feminino. Tentei esboçar no quadro a comparação com desenhos de páginas como se cada uma delas viesse de seus progenitores, mas percebi que a explicação naquele momento não facilitou o entendimento. O simples esboço de livros no quadro ficou confuso e incompreensível aos estudantes pela complexidade da comparação e do tema. Mas não somente isso, o entendimento de um teste de paternidade, mesmo que superficialmente, demandava planejamento de aulas de acordo com o conhecimento dos estudantes, que estavam no 6º ano do ensino fundamental e que naquele momento estavam iniciando também seus estudos sobre os ácidos nucleicos, suas características, localização e função nos seres vivos.

Anos depois, em 2015, ao me inscrever para fazer a disciplina isolada intitulada “Analogias e Metáforas no Ensino de Ciência e Tecnologia” no mestrado de Educação Tecnológica do CEFET-MG, bem como no decorrer da disciplina, recordei daquela aula em 2008 e do quanto foi difícil aplicar uma metáfora / analogia em sala sem seu devido planejamento e estruturação. Devido a isso, utilizei essa lembrança como inspiração para a produção do trabalho final de avaliação da disciplina isolada.

No trabalho final dessa disciplina, foi solicitado pelos professores Alexandre Ferry e Ronaldo Nagem a elaboração de uma atividade didática e também uma análise inicial dessa atividade a partir da Teoria do Mapeamento Estrutural de Gentner (1983). Para isto, retomei a metáfora de que o “DNA é como um livro” e estabeleci alguns correspondentes entre o material genético e um livro explicitando assim a comparação, ou seja, transformando a metáfora em analogia. A partir da analogia, produzi um modelo didático que foi denominado posteriormente de *Haploid-book*. Juntamente com o modelo também foi feito um roteiro de atividades baseado na metodologia de ensino com analogias (MECA). Esse modelo serviu como base para a construção de um artigo, também com a colaboração da professora Leila Ortega, que foi apresentado no evento internacional *Latin American Journal of Science Education - LASERA*, 2015, em Ibagué/Colômbia (GOUVEIA et al., 2015). Este artigo está no anexo C, página 157.

### **1.3 Objetivos, problema e questões norteadoras**

Entre os vários recursos de ensino, destaca-se a alta frequência com que as analogias e metáforas são empregadas na construção do conhecimento, na comunicação em ciência e no ensino (GOLDBACH; EL-HANI, 2008; ZAMBONI, 2009). A necessidade de uma metodologia cuidadosa é defendida por Nagem & Marcelos (2005), por considerarem que, quando a analogia não é utilizada de maneira criteriosa, sistemática e adequada pode ocorrer um desvio do conteúdo ensinado, acarretando dificuldades de compreensão.

A proposta desta pesquisa é realizar um estudo capaz de identificar as potencialidades e as limitações do *Haploid-book* como modelo didático para o ensino de Genética, a partir da Teoria do Mapeamento Estrutural de Dedre Gentner (1983), da Metodologia de Ensino com Analogias (MECA) de Nagem, Carvalhães & Dias (2001) e também, da discussão acerca da variabilidade conceitual do termo “gene” na literatura.

No Grupo de Pesquisa AMTEC (Analogias e Metáforas na Tecnologia, na Educação e na Ciência), são adotadas, dentre outras metodologias, a Metodologia de Ensino com Analogias como estratégia para a sistematização do emprego de analogias no ensino e a Teoria de Gentner (1983) como forma de análise de analogias utilizadas no ensino de ciências. Ambas permitem, de forma complementar, caracterizar a analogia que estruturou o modelo e verificar as potencialidades das comparações, suas limitações e restrições. Além disso, a Teoria de Gentner permite também a distinção da analogia de outros tipos de comparações, como, por exemplo, de uma comparação de mera-aparência. Entende-se que é pertinente essa distinção, pois os processos de raciocínio e de aprendizagem com analogias podem ser diferentes de processos envolvendo outros tipos de comparações. Essa distinção dos tipos de comparações poderia favorecer futuros estudos sobre a aprendizagem nestes contextos.

O presente trabalho pretende, portanto, utilizar esses estudos, acrescidos de uma pesquisa acerca do que pensam professores de Ciências / Biologia para compreender a estrutura da analogia que originou o modelo, bem como identificar e discutir quais conceitos de gene estão presentes no *Haploid-book* e responder ao seguinte problema de pesquisa: *Quais as potencialidades e as limitações do uso do modelo Haploid-book como recurso didático no ensino da genética?*

As seguintes questões orientam este trabalho:

- 1) O que professores licenciados em Biologia pensam sobre o *Haploid-book* como modelo para o ensino de genética, considerando suas potencialidades e limitações?
- 2) Dentre as abordagens do conceito de gene descritas na literatura, quais os conceitos de gene estão presentes no conjunto (*Haploid-book* e roteiro de atividades) segundo professores de Biologia?
- 3) Quais correspondências do modelo *Haploid-book* podem ser mapeadas de acordo com a Teoria do Mapeamento Estrutural de Dedre Gentner?
- 4) Como caracterizar o modelo analógico segundo as restrições estruturais da Teoria do Mapeamento Estrutural de Gentner?
- 5) Quais as perspectivas do uso do *Haploid-book* para o ensino de Genética?

Visando a responder a essas questões, foram realizadas pesquisas bibliográficas, bem como uma pesquisa de campo. Para efeito de apresentação, o texto foi estruturado em sete capítulos, conforme descrição a seguir.

No primeiro capítulo, a introdução, fez-se um breve relato da pesquisadora e das motivações para a pesquisa. Estão sendo apresentados também os objetivos da pesquisa, o problema, as questões que nortearam o trabalho, objeto da pesquisa e a justificativa do trabalho.

O segundo capítulo apresenta uma revisão de bibliografia referente ao ensino de Genética no ensino médio, o conceito e o uso de analogias, metáforas e modelos no ensino de Ciências.

No terceiro capítulo estão detalhados os referenciais teóricos utilizados para a coleta e para a análise de dados que fundamentam este trabalho. Esses referenciais foram a Teoria do Mapeamento Estrutural de Gentner (1983), a Metodologia de Ensino com Analogias de Nagem, Carvalhães & Dias (2001) e as múltiplas abordagens do conceito de gene descritas em literatura e categorizadas por Gericke & Hagberg (2007) e El-Hani (2014).

O capítulo 4 descreve a metodologia utilizada na pesquisa.

No capítulo 5 são apresentados os resultados da pesquisa e estes são analisados e discutidos à luz dos aportes teóricos apresentados no terceiro capítulo.

Com os resultados desta pesquisa, no capítulo 6 foram discutidas as perspectivas do uso em sala de aula do *Haploid-book* e de investigações futuras a respeito deste material didático.

Por fim, o capítulo 7 – Considerações finais – retomam-se as questões iniciais da pesquisa, relacionando-as aos resultados apresentados e discutidos em capítulo anterior.

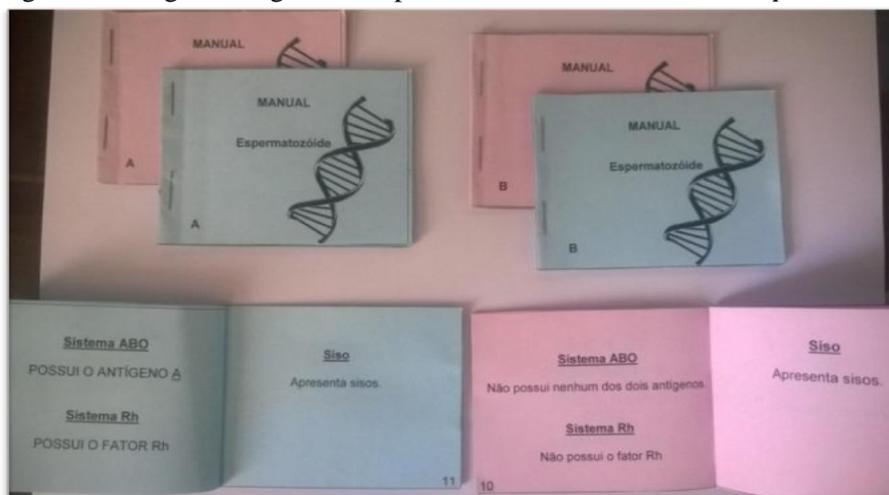
#### **1.4 Objeto da pesquisa: *Haploid-book***

O objeto desta pesquisa, o *Haploid-book*, foi criado em 2015, conforme descrição no item anterior desta dissertação. Esse modelo consistiu na elaboração de pares de livros, aqui chamados de *Haploid-books*, e de um roteiro de atividades didáticas baseados na Metodologia de Ensino com Analogias (MECA) proposta por Nagem, Carvalhães & Dias (2001).

A seguir, estão apresentadas imagens fotográficas do modelo *Haploid-book*. Tratam-se de livros, que representam parcialmente a constituição genética presente nos gametas humanos femininos e masculinos (Figura 1). Ao todo foram construídos seis tipos diferentes

de *Haploid-book*: o *Haploid-book* ovócito com os tipos A, B e C e o *Haploid-book* espermatozoide também com os tipos A, B e C. Cada exemplar apresenta variações alélicas para os genes representados. O livro rosa representa informações advindas do ovócito e o livro azul representa informações genéticas presentes no espermatozoide.

Figura 1– Imagem fotográfica de pares de livros denominados *Haploid-books*.



Fonte: Arquivo pessoal (2015).

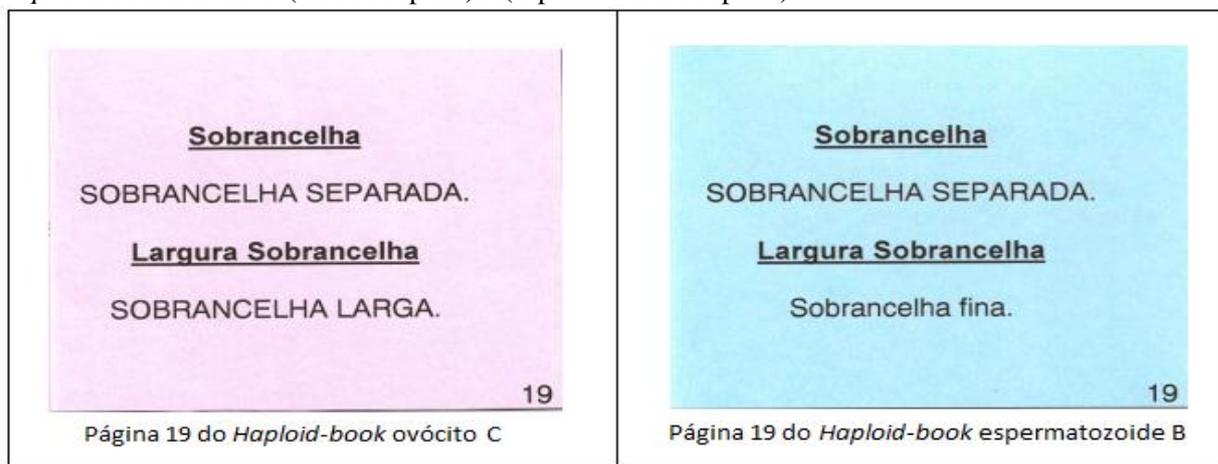
Cada exemplar do *Haploid-book* foi construído com um total de 23 páginas, e em cada página há a descrição de uma ou mais características. A união ou o uso de dois exemplares, o *Haploid-book* ovócito e o espermatozoide, tem como resultado um perfil completo com 46 páginas.

Como o *Haploid-book* não é um modelo didático auto-explicativo, acompanha-o um roteiro de atividades que tem como objetivo auxiliar o aluno no estabelecimento e na compreensão das correspondências entre o *Haploid-book* e o material genético presente em uma célula. Nesse roteiro, a primeira questão apresenta a seguinte orientação: “Você receberá dois livros. Um livro tem o título de ovócito e foi feito pela minha mãe, e o outro livro tem título de espermatozoide e foi feito pelo meu pai. Os dois descrevem as características que eles passaram para mim, porém só algumas eu expressei. Você deverá decifrar algumas características físicas verdadeiras e escrevê-las abaixo. Para ajudá-lo te darei uma dica: compare os dois livros, se houver alguma palavra com a letra maiúscula, a característica descrita irá sobressair sobre a minúscula”.

Para exemplo de como os estudantes descobrem a resultante fenotípica, na figura 2, estão imagens de uma página (19) de dois *Haploid-books*, o ovócito do tipo C e o

espermatozoide do tipo B. Nessa página estão descritas duas características, cujo resultado é encontrado pela comparação entre as duas.

Figura 2 – Descrições fenotípicas para tipo e largura de sobrançelha presentes em uma página de dois *Haploid-books* distintos (ovócito tipo C) e (espermatozoide tipo A).



Fonte: Arquivo pessoal (2017).

O critério utilizado no modelo didático para diferenciar alelos dominantes e recessivos, vindos dos progenitores, pode ser observado nesse exemplo da figura 2. Para a característica “largura da sobrançelha”, a presença da descrição “SOBRANCELHA LARGA” do ovócito e “sobrançelha fina” do espermatozoide resultará em um indivíduo de “SOBRANCELHA LARGA”, visto que, conforme orientação no roteiro, a letra maiúscula sobressai sobre a minúscula. Esse indivíduo também teria a “SOBRANCELHA SEPARADA” como os seus dois progenitores. Essas descrições da característica em maiúscula ou em minúscula do modelo didático funcionam como as representações de alelos “A” e “a”, que podem gerar genótipos (AA, Aa, aa).

Como cada tipo de livro (A, B e C) apresenta descrições diferentes, se forem entregues combinações diferentes para cada estudante em uma sala de aula, é esperado que os resultados encontrados pelos estudantes das características fenotípicas sejam também variados.

Após descrição inicial do *Haploid-book*, destaca-se a seguir o motivo pela escolha desse modelo didático como objeto de estudo nesta pesquisa.

Um dos motivos da escolha do modelo *Haploid-book* está relacionado à pertinência da discussão de temas relacionados à Genética, visto que esse é um tema importante aos estudantes para que estes tenham posicionamentos conscientes e críticos frente às implicações éticas, sociais, políticas e econômicas advindas do desenvolvimento dessa área. Além da relevância do tema, a escolha do *Haploid-book* como objeto de estudo deve-se à possibilidade

de discutir no ensino o uso de analogias por meio de um modelo tridimensional complexo, que envolve diversos conceitos genéticos conforme descrito e principalmente, pelo nível de enriquecimento da analogia que estruturou a atividade, observado em análise exploratória e publicado em artigo (GOUVEIA et al., 2015).

O *Haploid-book* e o roteiro que o acompanha também foram objetos de estudo, em 2017, de uma pesquisa do Programa Institucional de Bolsas de Iniciação Científica Júnior (PIBIC-Jr, edital 136/2016), com a orientação da professora Leila Ortega e coorientação do professor Samuel Gonçalves, ambos da equipe de docentes do CEFET-MG, e também com a participação da autora desta dissertação. Os estudantes do ensino médio Carolina Landes e Mateus Fonseca tiveram a oportunidade de, neste trabalho, reconstruírem o *Haploid-book* a partir de resultados preliminares deste estudo e de dados obtidos em metodologia específica do projeto por eles desenvolvido. Essa reconstrução foi apresentada em eventos científicos locais: 27ª META (Mostra Específica de Trabalhos e Aplicações) e 13ª Semana C & T (Semana de Ciência e Tecnologia), que ocorreram em Belo Horizonte, no campus I do CEFET-MG, nos dias 23 a 27 de outubro de 2017.

## **1.5 Justificativa**

Diante da importância da Genética na formação dos estudantes e da necessidade de que o uso de analogias e metáforas seja sistematizado tanto na prática em ciência, quanto em seu ensino e em sua divulgação, faz-se necessário também analisar as metodologias utilizadas em seu ensino. Existem diferentes metodologias criadas especialmente para esse fim e elas descrevem diferentes formas de abordar as analogias com os estudantes, seja em sala de aula ou em livros didáticos. Contudo, percebe-se que não possuem como objetivo a análise estrutural de analogias a partir da identificação e da distinção dos elementos, atributos e relações, bem como da diferenciação de analogias de outros tipos de comparação. Acredita-se que essa distinção possa auxiliar no uso do modelo analógico em sala de aula.

Além disso, entende-se que é 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.

Por fim, em vista de dúvidas e controvérsias atuais sobre o conceito de gene na comunidade científica, justifica-se compreender quais são os conceitos de gene que estão presentes no *Haploid-book* e no roteiro para conhecer melhor as características dos conceitos

de gene, como esses foram abordados no modelo didático, bem como suas limitações e seus possíveis desdobramentos em uma sala de aula.

## 2 REVISÃO DA LITERATURA

### 2.1 Ensino de Genética

As possíveis implicações nas questões éticas, econômicas e políticas da sociedade tornam o conhecimento dos estudantes sobre Genética particularmente importante para que eles tenham posicionamentos conscientes e críticos diante de avanços como, por exemplo, aqueles relacionados à Biologia reprodutiva, ao melhoramento genético com base em Bioengenharia, aos transgênicos, à clonagem de animais, aos testes de paternidade, ao sequenciamento de genomas, etc. (PAIVA; MARTINS, 2005; GOLDBACH; EL-HANI, 2008). Banet & Ayuso (2003) destacam ainda uma série de tópicos da Biologia como é o caso, por exemplo, do estudo da evolução e da diversidade dos seres vivos, que possuem como uma de suas bases os conceitos de herança e o entendimento do fluxo gênico.

Contudo, em paralelo à importância atribuída ao ensino de Genética, têm sido ressaltadas na literatura inúmeras dificuldades associadas ao ensino, na qual podemos destacar: excesso de termos e conceitos utilizados no conhecimento escolar de genética (PEDREIRA et al., 2013); uso inadequado e/ou ambíguo de termos genéticos, como, por exemplo, o uso indiscriminado e inadequado de alelo e gene sem esclarecer as diferenças de significados entre os dois termos (CHO; KAHLE; NORDLAND, 1985<sup>1</sup> apud GOLDBACH; EL-HANI, 2008); abordagem pouco integrada e fragmentada dos conteúdos de Genética, frequente nos currículos e nos livros didáticos (KNIPPELS et al., 2005; RESNIK, 1995); pouca problematização de temas contemporâneos e de discussões de ordem ética e política no ensino de Genética e falta de discussão dos diferentes modelos construídos para a explicação da estrutura e dinâmica do material genético que permita uma apropriação crítica do discurso determinista genético (GERICKE; HAGBERG, 2007; GOLDBACH; EL-HANI, 2008) e frequência baixa com que são abordados em livros didáticos temas aplicados da Biologia celular e molecular, atualmente enfocados pela mídia e de conhecimento dos estudantes, como, por exemplo, clonagem, organismos transgênicos, projetos genoma, terapia gênica, testes de DNA, testes diagnósticos etc. (XAVIER et al., 2006).

Alguns fatores que influenciam os problemas expostos relacionam-se à complexidade dos fenômenos que envolvem a Genética (SCHNEIDER et al., 2011); ao tempo escolar, em

---

<sup>1</sup> CHO, H.M.; KAHLE, J.B.; NORDLAND, F.H. An investigation of high school biology textbooks as sources of misconceptions and difficulties in genetics and some suggestions for teaching genetics. *Science Education*, v.69, p.707-719, 1985.

particular à carga horária dedicada ao ensino de Genética, e a questões relativas à formação de professores e aos materiais para o ensino (XAVIER et al., 2006; RESNIK, 1995).

Destaca-se ainda que, descobertas evidenciadas na pesquisa em Genética, especialmente quanto ao conceito de gene, também levaram a discussões sobre o seu ensino. Não existe um conceito único capaz de abranger a complexidade do gene e seu significado tem sido objeto de controvérsias (SANTOS; EL-HANI, 2009). Segundo Evangelista (2016), o modo como os genes são abordados no ensino tem implicações relevantes para a formação dos estudantes e podem influenciar em sua capacidade de se posicionar e atuar de maneira mais informada e crítica em sociedades cada vez mais marcadas pelo uso de tecnologias genéticas e de um discurso social sobre genes, ambos com um espectro de consequências éticas e políticas. Por isso, uma discussão sobre as descobertas de fenômenos envolvendo o gene, sua variabilidade de concepções e as abordagens propostas para o ensino de Genética no ensino médio foram expostas nesta dissertação, no capítulo 3, item 3.3 - intitulado “As múltiplas abordagens sobre o termo Gene”, do referencial teórico.

## **2.2 Analogias e metáforas no ensino**

Vários autores têm acentuado a importância das analogias e das metáforas como ferramentas valiosas no ensino e na aprendizagem de Ciências, especialmente de conceitos mais complexos (NAGEM; CARVALHÃES; DIAS, 2001; FERRAZ; TERRAZZAN, 2003; WEIGMANN, 2004; DUARTE, 2005; GOOLDBACK; EL-HANI, 2008; SANTOS; EL-HANI, 2009; SILVA; PIMENTEL; TERRAZZAN, 2011; HOFFMANN, 2012; MARCELOS; FERRY, 2013; ZAMBOM; TERRAZZAN, 2013; FERRY; NAGEM, 2015).

As analogias podem ser definidas como comparações que envolvem o estabelecimento de *relações* entre um domínio familiar, denominado *base* (GENTNER, 1983), *veículo* (NAGEM; CARVALHÃES; DIAS, 2001), *análogo* (DUIT, 1991; GLYNN, 1991) e outro não familiar ou pouco familiar, denominado *alvo* (GENTNER, 1983; GLYNN, 1991; NAGEM; CARVALHÃES; DIAS, 2001). Elas apresentam-se como um recurso que permite promover a interação entre o conhecimento prévio e o novo, dando significado ao conhecimento científico em sua assimilação (MARCELOS; FERRY, 2013; FERRY; NAGEM, 2015). Ferraz & Terrazzan (2002) citam a escada de corda como um exemplo de analogia, utilizada no ensino da Biologia, para explicar a estrutura da molécula de DNA. O

domínio familiar, no exemplo citado, corresponde à escada de corda e, o alvo, consiste na molécula de DNA.

Semelhante às analogias, as metáforas consistem em comparações que ocorrem entre dois domínios. Enquanto nas analogias as similaridades entre os domínios são explícitas, nas metáforas, a comparação ocorre de forma implícita (DUIT, 1991). Devido a isto, segundo Mozzer & Justi (2015), as metáforas se mostram limitadas no ensino de Ciências quando considerada a importância que as conexões entre o análogo e o alvo assumem no uso eficiente de uma comparação, a menos que, seus aspectos relacionais implícitos, quando existentes, sejam explicitados. Contudo, neste caso, como afirmam os pesquisadores, as metáforas se convertem em analogias.

Sendo as analogias parte do processo cognitivo humano e sabendo-se que elas auxiliam na compreensão dos conceitos científicos por aproximarem dois domínios heterogêneos, nos últimos anos tem sido considerável o crescimento do interesse de educadores/pesquisadores de Ciências pelo uso de analogias no Ensino de Ciências (FERRAZ; TERRAZZAN, 2002).

Em um desses estudos, Ferraz & Terrazzan (2002) realizaram observações em 152 aulas de 6 professores de Biologia e identificaram 108 analogias. Segundo os pesquisadores, algumas destas analogias se mostraram mais adequadas quando a professora as utilizava de uma forma mais organizada. Contrariamente à expectativa inicial, os pesquisadores evidenciaram também que poucas analogias utilizadas na prática docente coincidem com aquelas presentes nas coleções didáticas adotadas pelas professoras. Além disso, a maioria das analogias foi empregada de forma espontânea a partir da criatividade ou do improviso.

Duarte (2005), em sua revisão de literatura, citou alguns benefícios do uso de analogias na educação em Ciências: ativar o raciocínio analógico, organizar a percepção, desenvolver capacidades cognitivas e tornar o conhecimento científico mais inteligível e plausível. Contudo, além dessas potencialidades, também foram indicadas algumas dificuldades como, por exemplo: quando as analogias são inadequadamente interpretadas pelos estudantes como sendo o próprio conceito em estudo, quando não desencadeiam o raciocínio analógico e, como consequência, os estudantes não compreendem a analogia e quando os estudantes focalizam somente os aspectos positivos da analogia e desconsideram suas limitações. Diante das potencialidades e das dificuldades desse recurso didático, Ferraz & Terrazzan (2003) recomendam o uso de analogias de uma forma mais organizada na qual

sejam utilizadas estratégias didáticas elaboradas especificamente para esse trabalho em sala de aula.

No ensino de Genética, pesquisadores reconhecem o importante papel cognitivo das analogias e metáforas no auxílio à compreensão do conhecimento científico, mas também apontam a necessidade de rever o uso destes recursos na comunicação científica e em sala de aula. (HOFFMANN, 2012; SANTOS; EL-HANI, 2009, WEIGMANN, 2004, GOOLDBACK; EL-HANI, 2008).

Weigmann (2004) cita o uso frequente das metáforas na comunicação científica e, apesar de reconhecer o papel das metáforas em ajudar o público a entender termos científicos, destaca que se deve ter mais consciência da natureza das metáforas e das imagens que essas criam na mente do leitor ou do ouvinte, para que este não seja sobrecarregado com tantos significados distintos para um mesmo alvo. Para exemplificar, o autor afirma que “Parece impossível pensar no DNA como um mapa, informação (abrangendo conteúdo e estrutura), um código, um texto e uma estrutura química, tudo ao mesmo tempo” (Weigmann, 2004, p. 118).

Essa diversidade de termos comparados ao DNA foi encontrada por Gouveia, Ortega & Nagem (2017). Em análise de seis coleções de livros didáticos de Biologia, aprovados no Programa Nacional do Livro Didático para o triênio 2015, 2016 e 2017, com maior distribuição nacional segundo o FNDE (Fundo Nacional de Desenvolvimento da Educação), todas as seis continham alguma comparação baseada em metáfora ou analogia quanto à característica do DNA. Os termos identificados e seus propósitos didáticos estão descritas no Quadro 1:

Quadro 1: Relação de termos que são comparados ao DNA e seus respectivos propósitos didáticos, identificados em livros didáticos de Biologia.

<b>Domínio Base</b>	<b>Propósito Didático</b>
Receita	Capacidade do DNA de conter informações genéticas
Instrução	Capacidade do DNA de conter informações genéticas
Documento de Identidade	Exclusividade do DNA
Impressão digital	Exclusividade do DNA
Diretor	Coordenação do metabolismo celular pelo DNA
Código em barras	Codificação de informações genéticas
Senha	Codificação de informações genéticas
Escada em caracol /torcida	Forma e Constituição do DNA
Blocos de construção do DNA (figura)	Representar o nucleotídeo e seus nucleotídeos, bem como a cadeia de nucleotídeos de DNA.
Distância entre cidades	Mapas gênicos
Letras / Frases	Discutir a diferença entre dois genes
Texto / trechos sem significado	Evidenciar a presença de íntrons e éxons no gene
Letras / idioma	Relacionar a semelhante natureza dos ácidos nucléicos, DNA e RNA a partir da explicação do Processo de transcrição.
Palavras / objetos	Código genético, tradução

Fonte: GOUVEIA, ORTEGA & NAGEM (2017)

Além das citadas no quadro, também foram identificadas comparações relacionadas somente à aparência do ácido nucleico: espiral de um caderno; finos barbantes longos emaranhados como um novelo; fios longos e finos; e o formato de um “X” (GOUVEIA; ORTEGA; NAGEM, 2017).

Dentre as várias comparações que podemos encontrar em livros, na divulgação científica e por outras fontes utilizadas em Genética, a que inspirou o objeto de estudo desta pesquisa compara o DNA a um “livro”. Apesar de não saber onde essa comparação foi inicialmente utilizada, ela foi revivida a partir da divulgação do projeto Genoma no dia 26 de junho de 2000, em evento na Casa Branca e na presença do então presidente Bill Clinton. Nesse evento, Francis Collins e J. Craig Venter declararam uma vitória conjunta e anunciaram

que decifraram o primeiro rascunho do “livro da vida”. Francis Collins referiu-se à sequência do genoma humano como “nosso próprio livro de instruções anteriormente somente conhecido por Deus”. A sequência completa dos nucleotídeos foi publicada somente depois. (WEIGMANN, 2004). Em análise realizada por Santos (2008) em livros didáticos de ensino médio, destaca-se o cuidado em metáforas do DNA como um programa genético ou como o “livro da vida”, porque estas associações hiperbolizam o papel do DNA ao carregar a visão do DNA como o reservatório de toda a informação para construir um organismo (SANTOS, 2008).

### **2.3 Modelo didático**

O termo “modelo” é bastante polissêmico, o que lhe permite assumir diferentes significados em diversos contextos de aplicação. Entre esses contextos, podemos citar o termo modelo utilizado como uma representação, um “padrão a ser seguido”, um molde de um objeto, uma marca de um carro, por exemplo, entre outros (FERRY; ALMEIDA; ALMEIDA, 2016). Diante dos vários significados, segundo Gilbert, Boulter & Elmer (2000), em ciência, deve-se considerar um modelo como a representação de um objeto, ideia, evento, processo ou sistema. De acordo com Justi (2010) a concepção de modelo na educação em ciências é de uma representação parcial de entidades de interesse científico, criado com finalidade específica e passível de modificações.

Na literatura dedicada a estudar os modelos em ciências e na educação em ciências foram distinguidas várias tipologias de modelos, das quais podemos destacar o modelo científico, o modelo histórico, o modelo mental, o modelo expresso, o modelo curricular e o modelo de ensino.

De acordo com Raviolo (2009), os modelos surgem em um contexto histórico específico. Os modelos produzidos por cientistas, testados e aceitos por uma comunidade científica são considerados *modelos científicos*. Dentre estes modelos científicos, aqueles produzidos em um contexto específico e que foram substituídos pelo avanço de ciência, como, por exemplo, os modelos atômicos da Thomson ou Rutherford, são denominados de *modelos históricos*.

No ensino de ciências, considerando a complexidade dos modelos científicos ou de suas formas de representação, professores e autores de materiais didáticos desenvolvem

simplificações desses, que são denominadas *modelos curriculares* (GILBERT; BOULTER; ELMER, 2000).

Além desses modelos, Gilbert & Boulter (1995) definem ainda o *modelo mental* como uma representação pessoal e privada de um alvo e o *modelo expresso* como uma versão de um modelo mental que é expressa por um indivíduo através da ação, fala ou escrita.

Para o *Haploid-book* adotou-se a concepção de “modelos didáticos”, que também são denominados *modelos de ensino* conforme Gilbert & Boulter (1995). Os modelos de ensino visam facilitar a compreensão dos estudantes sobre algum aspecto do modelo curricular e são, portanto, utilizados por autores de livros didáticos e professores com o objetivo de facilitar a compreensão dos estudantes a respeito de algum aspecto do que deseja ensinar (GILBERT; BOULTER, 1995).

Fonseca & Nagem (2010) consideram que, da mesma forma que as analogias, um modelo implica na existência de uma correspondência estrutural e funcional entre sistemas distintos. Para Duit (1991), aprender um modelo da ciência significa aprender as relações analógicas que o modelo estabelece.

Apesar de reconhecer que Duit (1991) se referia à relação de similaridade que um modelo e o análogo possuem em relação à entidade científica, Ferry, Almeida & Almeida (2016) consideram que nem toda relação de similaridade entre um modelo e sua entidade implica necessariamente uma relação analógica. Para fundamentar essa proposição, os autores diferenciam as analogias dos modelos didáticos a partir de alguns princípios.

Nas analogias existem os princípios da familiaridade e da independência. O análogo geralmente pertence a um domínio familiar ao interlocutor (*princípio da familiaridade*), e o conhecimento sobre o domínio base, a princípio, independe das formas como as entidades de interesse científico tomadas como alvos da compreensão são concebidas (*princípio da independência*) (FERRY; ALMEIDA; ALMEIDA, 2016).

Diferentemente das analogias, os modelos didáticos são construções humanas com a finalidade de representar as entidades de interesse científico (*princípio da representatividade*) e ainda são dependentes do que se conhece a respeito das entidades de interesse (*princípio da dependência*) (FERRY; ALMEIDA; ALMEIDA, 2016).

A partir dos princípios descritos por Ferry, Almeida & Almeida (2016), Ferry (2016b) compreende que nem todo modelo didático pode ser considerado um modelo analógico. Segundo Ferry (2016b) apesar de os modelos didáticos estabelecerem com a entidade de interesse científico relações de similaridade e de terem a finalidade de representá-los

parcialmente, eles podem ser diferenciados em convencionais e analógicos. Os modelos didáticos *convencionais* são criados unicamente a partir de um conjunto de afirmações sobre a entidade de interesse científico, enquanto o modelo analógico é uma entidade criada a partir de algum análogo à entidade de interesse científico, ou com elementos pertencentes ao domínio familiar.

Dessa forma, compreende-se que o modelo didático *Haploid-book* também pode ser considerado um modelo analógico, considerando a concepção de Ferry (2016b), por estabelecer uma comparação baseada em uma analogia, o material genético presente em uma célula e um livro.

### **2.3.1 Modelos e modelagem**

Um dos significados amplos atribuídos em dicionários à modelagem é o de um processo de produção de modelos, contudo, a modelagem inclui não só a produção, mas também a validação e a utilização de modelos (JUSTI, 2015). De acordo com Mozzer & Justi (2015), a modelagem é definida como um processo de elaboração, crítica e refino de modelos. Segundo Paganini, Justi & Mozzer (2014), a modelagem é como um processo dinâmico e não linear no qual todas as etapas de construção do modelo exercem influência umas nas outras e não ocorrem em uma ordem rígida.

Para a construção de modelos não existem regras gerais, o que é coerente, segundo Justi (2015), com uma visão ampla de ciências na qual se reconhece as particularidades da produção de conhecimento em cada um de seus ramos. Contudo, apesar de não existir uma visão única sobre como o processo de modelagem ocorre, tem sido consenso entre os pesquisadores que algumas etapas são inerentes a tal processo como a produção, teste e modificação de modelos (JUSTI, 2015).

Justi & Gilbert (2002) fizeram um estudo a respeito do modo como os modelos são construídos na ciência e em outros contextos, e como resultado elaboraram um diagrama denominado “modelo de modelagem” em que são descritas as etapas de um processo de modelagem. Essas etapas estão detalhadas a seguir:

Na construção de um modelo, são obtidas informações sobre a entidade a ser modelada, definidos os objetivos e os aspectos que serão abordados pelo modelo e, a partir desses dados, é elaborado um modelo mental do objeto de estudo (JUSTI; GILBERT, 2002).

Em seguida, esse modelo mental é expresso por meio do uso de algum modo de representação: 3D (concreto), 2D (desenhos, diagramas etc.), virtual, verbal, gestual, matemático ou qualquer combinação deles (JUSTI, 2015). Justi & Gilbert (2002) acrescentam que nesse momento ocorre uma adequação entre o modelo que a pessoa elaborou em sua mente e o modelo que será expresso. Além disso, afirmam que pode ocorrer um ciclo de alterações em ambos até que um esteja de acordo com o outro.

De posse do modelo expresso, este deve passar por etapas de testes. Esses testes podem ser mentais ou empíricos e dependem da entidade que está sendo modelada, de recursos disponíveis e do conhecimento prévio do indivíduo ou grupo de indivíduos que participa do processo. A realização de experimentos mentais envolve processos de raciocínio e é empregada em várias situações (imaginárias) para avaliação de sua aplicabilidade. Já os testes empíricos são atividades práticas, seguidas de coleta, análise de dados e avaliação dos resultados produzidos. Dependendo dos resultados, na etapa de testes, o modelo pode ser modificado ou mesmo rejeitado (JUSTI; GILBERT, 2002; JUSTI, 2015).

O modelo que alcançou os objetivos na etapa de testes deve ser apresentado para outras pessoas que reconhecerão ou não sua validade. Essa etapa implica a identificação das abrangências e limitações deste modelo (JUSTI; GILBERT, 2002; JUSTI, 2015).

Justi (2015) acrescenta que, após a proposição do modelo mental inicial, não existe uma ordem fixa para a ocorrência das demais etapas, e que muitas vezes o modelo mental pode ser avaliado por testes mentais.

### 3 REFERENCIAL TEÓRICO

Com o objetivo de estudar o modelo didático e o roteiro de atividades que o acompanha, sustentaram esta análise três referenciais: a Metodologia de Ensino com Analogias (MECA) (NAGEM; CARVALHÃES; DIAS, 2001); a Teoria do Mapeamento Estrutural (GENTNER, 1983) e a variabilidade conceitual do termo gene descrita em literatura (GERICKE; HAGBERG, 2007; EL-HANI, 2014).

#### 3.1 Metodologia de Ensino com Analogias (MECA)

A Metodologia de Ensino com Analogias (MECA) foi proposta inicialmente por Nagem, Carvalhães & Dias (2001) e, posteriormente, por Marcelos & Nagem (2010) com a finalidade de fornecer apoio a professores e autores de livros didáticos no uso de analogias. Nagem, Carvalhães & Dias (2001) sistematizaram a MECA tendo por base o estabelecimento de nove passos descritos no Quadro 2:

Quadro 2 – Metodologia de Ensino com Analogias (MECA)

<b>Passos da MECA</b>	<b>Descrição</b>
1-Área do conhecimento	Definição da área específica que abrange determinado conhecimento a ser trabalhado em diversas disciplinas do currículo, como matemática, física, biologia, química e outras.
2- Assunto	Conteúdo a ser ministrado.
3- Público	Definição do público alvo.
4- Veículo	Domínio familiar - a identificação do veículo torna-se necessário, no sentido de encontrar o correspondente, o semelhante, o análogo na experiência prévia do público alvo.
5- Alvo	Domínio desconhecido - o objeto estudado.
6- Descrição da analogia	Apresenta-se e explica-se o veículo, e somente depois trata-se o alvo.
7- Semelhanças e diferenças	Explicitar de maneira objetiva semelhanças e diferenças relevantes para a compreensão do alvo.
8- Reflexões	Analisar a validade da analogia, suas limitações, assim como sua adequação ao conteúdo proposto. Propiciar não apenas o

	entendimento do conteúdo, mas também a atitude crítica e reflexiva.
9- Avaliação	A elaboração, por parte dos estudantes, de outra analogia para o conceito alvo pode evidenciar entendimento e compreensão do conceito.

Fonte: Informações obtidas de Nagem, Carvalhães & Dias (2001).

Segundo Nagem, Carvalhães & Dias (2001), o uso de analogias a partir de uma metodologia própria permite que a observação, a reflexão e o raciocínio possam substituir em parte a atividade de memorização do aluno. Várias pesquisas envolvendo essa metodologia foram utilizadas em diferentes áreas de ensino (FIGUEROA, 2004; MARCELOS; NAGEM, 2010; NAGEM et al., 2011; MARCELOS; FERRY, 2013; FREITAS, 2015; PORTELA, 2017).

Marcelos & Ferry (2013) em estudo realizado com estudantes do ensino médio, destacaram que o emprego da MECA tornou as aulas mais instigadoras e possibilitou que os estudantes pensassem aspectos não encontrados nos manuais didáticos. Nagem et al. (2011), ao trabalhar o uso de analogias e modelos em um curso de formação de professores, apontaram que essa metodologia expôs os conteúdos de forma atraente, lúdica, motivadora e que foi capaz de mobilizar recursos cognitivos como o raciocínio e a lógica. Além disso, permitiu aos professores acessar os conhecimentos prévios dos estudantes sobre o assunto.

A MECA foi evidenciada por Figueroa (2004) como metodologia que pode ser aplicada em diversos campos do saber e com diversos conteúdos e temas disciplinares. Além disso, a pesquisadora também afirmou que o uso sistemático da analogia favoreceu a aprendizagem por meio do entendimento e da compreensão, e não pela via da memorização.

Além do uso em sala de aula, essa metodologia, ou partes dela, também foram utilizadas para outras finalidades. Em estudo realizado por Freitas (2015, p.89), os pesquisadores fizeram uso do quadro “Modelo de Estrutura Comparativa de Semelhanças e Diferenças entre o veículo (Microscópio óptico) e o alvo (*Smartscópio*)” adaptado de Marcelos & Nagem (2010), para permitir que os pesquisadores analisassem o modelo mental dos participantes da pesquisa e inferissem sobre melhorias, adequação e utilização do objeto de estudo. Portela (2017) também utilizou em sua metodologia alguns passos da MECA como procedimento para coleta de dados. Essa estratégia teve como objetivo buscar a percepção dos professores, que eram participantes da pesquisa, sobre as possibilidades de uma comparação potencialmente analógica entre o corpo humano e uma orquestra musical.

A MECA é um dos referenciais metodológicos desta pesquisa por ter sido utilizada como orientação para a produção do roteiro de atividades que acompanha o *Haploid-book*, objeto deste estudo.

### **3.2 Teoria do Mapeamento Estrutural**

A Teoria do Mapeamento Estrutural (*Structure Mapping Theory*), proposta por Dedre Gentner (1983), surgiu no campo da Psicologia Cognitiva e tem sido utilizada em pesquisas no campo da Educação em Ciências, especialmente sobre o uso de comparações nos processos de ensino e de aprendizagem (MOZZER; JUSTI, 2015; FERRY, 2016a; FERRY, 2016b; FERRY; ALMEIDA; ALMEIDA, 2016; ALVARENGA, 2017, GOUVEIA et al., 2017; MURTA, 2017; PORTELA, 2017).

#### **a) Mapeamento Estrutural**

De acordo com a Teoria do Mapeamento Estrutural (GENTNER, 1983; GENTNER & MARKMAN, 1997), o *mapeamento* é um processo em que se estabelece um alinhamento estrutural, ou seja, um conjunto explícito de correspondências entre dois domínios comparados em que são projetadas inferências (GENTNER et al., 2001). Ainda segundo Gentner (1983), esses domínios são sistemas que incluem elementos (objetos, estados ou processos), atributos (características dos elementos) e relações tanto entre os elementos, quanto entre os atributos dos elementos.

Uma das formas de representação desse mapeamento foi criada por Ferry (2016a) e está descrita na metodologia desta dissertação como referencial teórico e metodológico. Nessa representação, as correspondências são detalhadas e nelas diferenciadas elementos, atributos, relações de primeira e segunda ordem.

A análise destes itens (elementos, atributos e relações) em correspondência orienta a distinção entre analogias e outros tipos de comparações. Segundo Gentner (1983), uma analogia consiste em um tipo de comparação na qual o mapeamento de correspondências ocorre *entre relações* pertencentes a cada um dos dois domínios comparados – um domínio conhecido, base (DB), familiar e um domínio desconhecido, alvo da compreensão (DA).

Além da identificação de elementos, atributos e relações, no mapeamento estrutural, Gentner & Markman (1997) apresentam dois outros conceitos: diferenças alinháveis e

diferenças não-alinháveis. As diferenças alinháveis são diferenças relacionadas ou conectadas aos pontos de correspondência mapeados, e as diferenças não-alinháveis são aspectos de uma situação que não possua qualquer correspondência aos pontos mapeados. Sobre a importância desta diferenciação Ferry (2016a) argumenta:

Podemos entender que as diferenças alinháveis se aproximam daquilo que a literatura chama de limitações da analogia, na medida em que tais diferenças, se não explicitadas, podem conduzir a mal-entendidos acerca do domínio alvo. Há uma tensão nas comparações constituída pela existência de correspondências que devem ser estabelecidas e outras que devem ser interdidas. De acordo com o referencial teórico que adotamos em nossa pesquisa, a interdição se faz pela explicitação das diferenças alinháveis e contribui para determinar a abrangência e a limitação da comparação. (FERRY, 2016a, p. 55).

## **b) Restrições Estruturais**

Para análise do mapeamento de uma analogia, Gentner & Markman (1997) citam três restrições estruturais que são compreendidas, nesta pesquisa, 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 de a 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.

### c) Outros tipos de comparações

Além das analogias, Gentner (1983) distingue outros diferentes tipos de comparações: similaridades de mera aparência; similaridades literais e anomalias. Nas similaridades de mera aparência, o foco da comparação é dado às correspondências entre *atributos* dos elementos que pertençam a cada domínio (predicados como a forma, a cor, o tamanho, e outro). Nas similaridades literais, tanto os *atributos* dos elementos que constituam ambos os domínios quanto às *relações* existentes entre esses elementos são tomados como foco no estabelecimento da comparação. Nas anomalias, o mapeamento das similaridades entre os dois domínios comparados não encontra correspondências, nem entre atributos dos elementos, nem entre as relações que os elementos exibem em cada domínio (FERRY, 2016a).

A fim de sintetizar, Ferry (2016a) produziu um quadro, inspirado em Gentner (1983), no qual foram descritas as diferenças dos vários tipos de comparações, segundo a quantidade de atributos e relações entre os domínios comparados. Este quadro foi reproduzido abaixo com modificações na quarta coluna (Quadro 3).

Quadro 3 – Tipos de comparações descritas por Gentner (1983).

Tipos de comparação	Atributos de elementos mapeados do DB para o DA	Relações mapeadas do DB para o DA	Exemplo
Analogia	Poucos	Muitas	O gene pode ser comparado a uma “frase” em código escrita com quatro “letras” ( A, T, C, G).
Similaridade de mera aparência	Muitas	Poucas	Os cromossomos seriam comparáveis a muitos metros de finos barbantes, longos e emaranhados.
Similaridade literal	Muitos	Muitas	O RNA é formado por nucleotídeos como o DNA
Anomalia	Poucos ou nenhum	Poucas ou nenhuma	As trincas de bases no DNA são como rachaduras.

Fonte: Ferry (2016a) modificado.

No Quadro 3, os exemplos citados na quarta coluna foram produzidos nesta dissertação a fim de que estivessem relacionados ao tema genética.

Além dessas comparações, Gentner et al. (2001) citam ainda as metáforas. Para os autores, as metáforas são como analogias quando consistem em comparações que compartilham informações relacionais e, devido a esta característica, são denominadas de metáforas relacionais. Para exemplificar as metáforas relacionais, Gentner et al. (2001, p.199-200) citam as seguintes frases: “as enciclopedias são minas de ouro” e “meu trabalho é uma

prisão”. Diferentemente dessas, existem também metáforas baseadas em atributos e que estão em menor quantidade. Como exemplo, Gentner et al. (2001, p.200) citam “os pneus são como sapatos”.

#### **d) Pesquisas com a Teoria do Mapeamento Estrutural**

Pesquisas recentes indicaram que a Teoria do Mapeamento Estrutural contribuiu no estudo de analogias na educação em ciências e que o uso de mapeamentos estruturais tornou-se uma ferramenta promissora de análise, por permitir identificar e compreender as correspondências estabelecidas entre os elementos e seus atributos em cada domínio das analogias (MOZZER; JUSTI, 2015; FERRY, 2016a, ALVARENGA, 2017; PORTELA, 2017; GOUVEIA et al., 2017; MURTA, 2017) e dos modelos (FERRY; ALMEIDA; ALMEIDA, 2016).

Nesses estudos, essa Teoria permitiu também análise e compreensão da complexidade das relações em correspondência de analogias construídas durante uma aula por um professor Química (FERRY, 2016a); diferenciação e reflexão dos tipos de comparações utilizadas em livros didáticos de Biologia sobre o tema citologia (MURTA, 2017); análise da forma como autores de livros didáticos de Química exploraram algumas analogias e criação de uma categorização dos níveis de enriquecimento das comparações a partir das correspondências analisadas (ALVARENGA, 2017); análise de como autores de livros didáticos de Biologia utilizam termos como “letras”, “palavras”, “parágrafos” e “textos” ao tratar de genes (GOUVEIA et al., 2017) e compreensão das possibilidades de correspondências de uma comparação potencialmente analógica entre o corpo humano e uma orquestra musical (PORTELA, 2017).

Em pesquisa de Mozzer & Justi (2015), os autores também discutem os diferentes tipos de comparações e diferenciam a analogia, a similaridade literal e a comparação de mera-aparência por meio de um mapeamento de correspondências inspirado em Gentner (1983). Contudo, o quadro de representação elaborado é diferente e menos detalhado do que a representação proposta por Ferry (2016a), que foi o referencial teórico metodológico de estudos que também discutiram os diferentes tipos de comparações como, por exemplo, Murta (2017) e Alvarenga (2017).

Além dos estudos citados acima, Ferry, Almeida & Almeida (2016), ao analisarem um modelo didático elaborado para o ensino de Astronomia, indicaram que o mapeamento

estrutural enquanto teoria e ferramenta possibilitou distinguir diferentes tipos de comparações em um mesmo modelo (modelo de mera aparência e modelo relacional), cada um segundo um contexto de aplicação. Além disso, o estudo evidenciou a abrangência e as limitações do modelo como representação parcial da entidade modelada, bem como propiciou a reflexão sobre a possibilidade de alterações no modelo para ampliação das suas potencialidades pedagógicas.

### 3.3 As múltiplas abordagens sobre o termo “Gene”

Segundo El-Hani (2014), a compreensão do que são genes e de como eles funcionam tem sido marcada por uma variação conceitual. Para dar exemplo dessa variação conceitual, o autor cita como o termo “gene” refere-se a diferentes objetos epistêmicos quando usado por pesquisadores que trabalham com genética de populações e por biólogos moleculares. Enquanto nos modelos da genética de populações existe uma tendência em tratar os genes como marcadores fenotípicos, os biólogos moleculares, por sua vez enfatizam a natureza estrutural dos genes e seus papéis nos sistemas celulares dos quais fazem parte.

A explicação para essa variação está relacionada às mudanças dos *modelos científicos* ao longo da história da ciência, bem como às diferenças nas práticas experimentais usadas por diferentes comunidades científicas (EL-HANI, 2014).

Gericke & Hagberg (2007) consideram que o gene é uma unidade biológica básica de hereditariedade à qual uma função específica pode ser atribuída, interpretando-a como um fenômeno da função gênica. Esse fenômeno, por sua vez, pode ser representado em diferentes modelos que empregam também diferentes conceitos de gene. Gericke & Hagberg (2007), como forma de organizar a polissemia do termo “gene”, identificaram cinco modelos de função gênica ao longo da História: “mendeliano”, “clássico”, “bioquímico-clássico”, “neoclássico” e “moderno”. El-Hani (2014) também organiza os conceitos de gene quanto a sua função gênica nesses cinco modelos citados, contudo denomina o modelo “neoclássico” de “modelo molecular-informacional” e o modelo “moderno” de “em fluxo”.

Os diferentes conceitos de gene e os diferentes modelos de função gênica são úteis em várias áreas da Biologia, contudo, essa variação conceitual também pode resultar em ambiguidades e confusões semânticas. Por isso, pesquisadores como Moss (2003); Santos & El-Hani (2009); Santos (2008); Schneider et al., (2011); Meyer, Bomfim & El-Hani (2013); Gerick et al. (2014); El-Hani (2014); Evangelista (2016); Patiño (2017) consideram que

devemos distinguir claramente os diferentes modelos de função gênica e os conceitos de gene a fim de que não ocorram ambiguidades e confusões semânticas.

O termo “gene” foi introduzido pelo geneticista dinamarquês Wilhelm Johannsen, em 1909, como forma de designar a unidade que constituiria o genótipo. Segundo Schneider et al. (2011), Johannsen propôs ainda a diferença entre os termos genótipo e fenótipo conforme trecho a seguir:

[...] vou propor os termos "gene" e "genótipo" e mais alguns termos, como "fenótipo" e "biótipo", a serem utilizados na ciência da genética. O "gene" é uma palavra muito pouco aplicável, facilmente combinado com outras, e, portanto, pode ser útil como uma expressão para a "unidade de fatores", "elementos" ou "alelomorfos" nos gametas, utilizadas por modernos pesquisadores mendelianos. O "genótipo" é a soma de todos os "genes", em um gameta ou em um zigoto [...] Todas as características de organismos, distinguíveis por inspeção direta da aparência ou por descrição dos métodos de medição, poderão ser caracterizadas como "fenótipo" (JOHANNSEN, 1911, p. 132-133).<sup>2</sup>

Conforme argumenta Schneider et al. (2011), o termo gene foi proposto com um valor instrumental por fazer referência a um conceito abstrato relacionado à ideia de “fatores” ou “elementos” e que não estava associado à existência de uma partícula física material. A ideia de gene consolidou-se como unidade de herança suficiente para a manifestação de caracteres, não levando em consideração qualquer outro fator, como por exemplo, o ambiental, o que era admissível por ser um conceito instrumental. Esse primeiro conceito de gene é denominado *gene mendeliano* (EL-HANI, 2014).

A elucidação da relação entre genes e estruturas cromossômicas ocorreu a partir de 1911 com a denominada Teoria Cromossômica da Herança. Essa teoria foi inicialmente proposta por Walter Sutton e Theodor Boveri e consolidada pelo grupo de Thomas Hunt Morgan (MORGAN et al., 1915<sup>3</sup> apud ARAUJO; MARTINS, 2008). Como parte da Teoria Cromossômica da Herança, a ideia de que os cromossomos abrigavam genes seguidos uns aos outros levou à metáfora de que os genes seriam contas de um colar. Este modelo de função gênica, caracterizado por um deslocamento na direção de uma visão realista, foi denominado por Gericke & Hagberg (2007) como *conceito clássico*. De acordo com esse modelo, o gene é uma partícula real e indivisível, responsável pela transmissão de características fenotípicas, contudo com estrutura molecular ainda desconhecida (EL-HANI, 2014).

---

<sup>2</sup> JOHANNSEN, W. L. The genotype conception of heredity. *The American Naturalist*, 45(531), 129-159, 1911.

<sup>3</sup> MORGAN, T. H.; STURTEVANT, A. H.; MULLER, H. J.; BRIDGES, C. B. *The mechanism of mendelian heredity*. New York, NY: Henry Holt, 1915.

Segundo El-Hani (2014), após 1940, o conhecimento crescente a respeito das reações bioquímicas influenciou a compreensão dos genes e fez com que, ao invés de “unidade de transmissão” de características hereditárias, o gene passasse a ser uma “unidade de função”, especificamente por entenderem o gene como um produtor ativo de enzimas. Esse modelo, que Gericke & Hasberg (2007) denominam de *bioquímico-clássico*, não explicava os processos bioquímicos. Assim, a maior preocupação passou a recair no aspecto funcional dos genes e seu vínculo com a determinação do fenótipo por meio das enzimas por eles produzidas (SANTOS; JOAQUIM; EL-HANI, 2012). Além disso, o gene permanecia como uma entidade com estrutura molecular desconhecida.

A associação “um gene – uma enzima” foi substituída na medida em que foi compreendido que nem todo produto gênico são enzimas. Dessa associação passou-se à correspondência “um gene – uma proteína” e, posteriormente, a “um gene – um polipeptídeo”. A descoberta de que o RNA também pode ser produto gênico levou à ideia de uma correspondência entre um gene e um polipeptídeo ou um RNA (EL-HANI, 2014).

Com a proposta do modelo da dupla hélice, em 1953, por Watson e Crick o gene passou a ser tratado como unidade estrutural e funcional, configurando-se, assim, como um modelo híbrido, no sentido de que mistura duas concepções distintas de genes (SANTOS; EL-HANI, 2009). Essa visão levou ao predomínio da visão realista do gene como uma entidade material. O gene passou a ser um segmento contínuo de DNA cuja sequência de bases codificantes não sofre interrupções; uma unidade individual que não se sobrepõe a outros genes; com começo e fim bem definidos e com localização constante (PATIÑO, 2017). Este novo conceito de gene que surgiu tem sido denominado na literatura filosófica “*conceito molecular clássico*” (GRIFFITHS & NEUMANN-HELD, 1999; NEUMANN-HELD, 1999).

Contudo, uma série de fenômenos descobertos principalmente a partir da década de 1970, como, por exemplo, os genes interrompidos, a emenda (*splicing*) alternativa de RNA, genes superpostos, edição de RNAm, etc. colocaram em xeque o conceito molecular clássico e, além disso, conduziram a uma nova visão sobre a estrutura e a dinâmica do genoma e dos sistemas celulares, mais complexa do que aquele usualmente apresentado em diferentes instrumentos de ensino e divulgação da Ciência (FOGLE, 1990; GERSTEIN et al., 2007; EL-HANI, 2007; GOOLDBACK; EL-HANI, 2008; JOAQUIM; EL-HANI, 2010).

Próximo a essas mudanças houve a incorporação de uma linguagem informacional na Biologia molecular (KAY, 2000). O gene passou a ser considerado não apenas como uma unidade estrutural e funcional, mas também como unidade informativa, ou seja, como uma

mensagem única e específica no DNA (SANTOS; EL-HANI, 2009). Essa linguagem informacional acompanha com frequência a descrição estrutural e funcional do gene e foi descrita por Stotz, Griffiths & Knight (2004) como *concepção informacional*. Segundo El-Hani (2014) foi denominada concepção e não conceito por ser uma ideia mais vaga.

O conceito de gene também foi descrito em trabalhos de Moss (2001, 2003) que, ao analisar os significados atribuídos ao gene, o diferenciou em dois modos distintos: o *gene-P* e o *gene-D*. Esses dois modos de entender o gene cumprem papéis distintos na pesquisa genética e não deveriam, no entendimento de Moss (2001, 2003) ser misturados. Contudo, segundo sua análise, foram frequentemente confundidas ao longo do século XX.

O gene-P corresponde ao gene como determinante de fenótipos ou diferenças fenotípicas, sem corresponder a uma sequência molecular específica no DNA. Assim, qualquer gene que é um gene “para” uma doença ou característica seria um gene-P (SCHNEIDER et al., 2011). Trata-se de um conceito instrumental, que não implica uma hipótese sobre uma correspondência com a realidade e torna aceitável a suposição simplificadora de um mapeamento simples entre genótipo e fenótipo. Isso não desmerece a utilidade do conceito de gene-P na explicação e previsão de resultados de cruzamentos. Trata-se, portanto, de um recurso para utilizar em problemas de Genética, nos quais se infere o genótipo a partir do fenótipo e se assume o determinismo para fins de simplificação. (EVANGELISTA, 2016; EL-HANI, 2014). El-Hani (2014) alerta que, sendo o gene-P um conceito instrumental, não se deve somar a ele uma correspondência real, contudo esse limite frequentemente não é considerado.

Segundo Moss (2001, 2003), diferentemente do gene-P, o gene-D é concebido no discurso científico de uma maneira realista e está relacionado ao papel de sequências de DNA no desenvolvimento e funcionamento celular, como recursos em paridade causal com outros recursos, igualmente importantes para o desenvolvimento e a função celular. O gene-D é indeterminado em relação ao resultado fenotípico, pois mediante as inúmeras modificações contextuais, o mesmo gene-D pode ser um fator que contribui para resultados fenotípicos completamente diferentes (SCHNEIDER et al., 2011).

Alguns autores propõem ainda definir um gene não como uma sequência específica de DNA, mas como todo processo molecular subjacente à capacidade de expressar um produto gênico. Essa definição foi apresentada por Griffiths & Neumann-Held (1999) como conceito de *gene molecular processual*, na qual o foco é o modo de como sequências de DNA são utilizadas no processo de síntese de polipeptídeos e RNAs, envolvendo não somente o DNA,

mas uma série de entidades que participam de tal processo. Segundo El-Hani (2014), nessa proposta, em que os genes passam de entidades a processos, uma das vantagens é que esta maneira de compreensão do gene contrapõe-se às visões hiperbólicas sobre o papel do DNA nos sistemas vivos.

Além dos conceitos apresentados neste estudo, outros, como *contemporâneo* (GRIFFITHS; NEUMANN-HELD, 1999) e *sistêmico* (PARDINI, GUIMARÃES, 1992), foram criados na tentativa de conseguir um conceito de gene capaz de abranger as descobertas científicas sobre a organização e a dinâmica do genoma. Esses conceitos são considerados como pertencentes à situação atual do conceito “gene em fluxo” (EL-HANI, 2014; PATIÑO, 2017).

Em análise realizada, por Santos (2008), em livros didáticos de Biologia do Brasil, para o ensino médio, os resultados apontaram que as concepções de gene informacional, gene molecular clássico e gene-P estão fortemente presentes e intimamente relacionadas no ensino médio, denotando modelos híbridos de função gênica, nos quais há forte predominância de aspectos do modelo molecular-informacional, misturados a visões deterministas da relação genótipo-fenótipo. Além disso, foi observado que os autores de livros didáticos não delimitaram os domínios de aplicação para os diferentes conceitos de gene, o que levou a uma sobreposição entre as visões clássicas e atuais sobre gene e que pode conduzir a uma série de dificuldades na compreensão dos estudantes.

Esse uso inadequado de combinação entre diferentes modelos de função gênica também foi percebido em livros de seis países, incluindo o Brasil (Suécia, Austrália, Canadá, Estados Unidos e Grã-Bretanha, Brasil) (GERICK et al., 2014). Nesses livros, o conceito de gene-P foi bastante comum, e, além disso, ao longo dos livros, esse conceito foi utilizado em combinação com o gene molecular sem referência aos contextos de aplicação e às limitações desses modelos.

Por tudo isso, entende-se pertinente a discussão do papel de modelos em Ciência e a compreensão dos modelos de ensino de Genética.

## **4 METODOLOGIA**

### **4.1 Considerações iniciais**

Conforme exposto no capítulo 1, a presente pesquisa discute as potencialidades e as limitações do uso de um modelo didático, o *Haploid-book*, para o ensino de Genética. Com o objetivo de aprofundar sobre a compreensão deste objeto, os procedimentos metodológicos desta pesquisa foram orientados por uma abordagem do tipo qualitativa.

Segundo Flick (2009), o objeto em estudo na pesquisa qualitativa é o fator determinante para a escolha de um método, e não o contrário. O objeto não se reduz a uma simples variável, mas sim, é representado em sua totalidade, dentro de seus contextos cotidianos. Por isto e por outras peculiaridades, a pesquisa qualitativa é considerada multimetodológica permitindo, inclusive, a reestruturação do processo de investigação no decorrer do mesmo. (ALVES-MAZZOTTI; GEWANDZNAJDER, 2001).

Além da abordagem qualitativa, este estudo, quanto aos objetivos, classifica-se como uma pesquisa exploratória. Esse tipo de pesquisa é indicado para a investigação de um objeto de estudo recente com vistas a proporcionar maior familiaridade com o problema e a torná-lo mais explícito. O planejamento deste tipo de pesquisa é bastante flexível, de modo que possibilita a consideração dos mais variados aspectos relativos ao fato estudado (GIL, 2002).

Quanto aos procedimentos, esta pesquisa aproxima-se de uma pesquisa qualitativa do tipo participante. Segundo Fonseca (2002), este tipo de pesquisa caracteriza-se pela identificação do pesquisador com as pessoas investigadas e sua vivência cotidiana com o problema de pesquisa. Essa vivência e envolvimento da pesquisadora com o objeto de pesquisa foram os critérios para esta classificação.

### **4.2 Sequência metodológica, instrumentos de coleta de dados e participantes**

A coleta de dados foi realizada com diferentes instrumentos de pesquisa: roteiro de atividades, questionário, oficina e mapeamento estrutural. Todos esses instrumentos, as etapas em que foram utilizados, bem como seus objetivos estão descritos resumidamente no Quadro 4:

Quadro 4 – Etapas da pesquisa, instrumentos de coleta de dados, aspectos pesquisados em cada etapa e participantes.

<b>Etapas da pesquisa</b>	<b>Modelo <i>Haploid-book</i> e instrumentos de coleta de dados</b>	<b>Aspecto pesquisado</b>	<b>Participantes</b>
<b>1</b>	Modelo <i>Haploid-book</i> e roteiro de atividades ( <u>original</u> )	Teste Piloto Avaliação preliminar do roteiro e do modelo <i>Haploid-book</i> .	2 estudantes do ensino médio.
<b>2</b>	Modelo <i>Haploid-book</i> e roteiro de atividades ( <u>original</u> ) e questionário	1ª validação dos instrumentos de coleta de dados.	2 professores de Biologia (1ª validação)
<b>3</b>	Modelo <i>Haploid-book</i> , roteiro de atividades ( <u>adaptado</u> ) e questionário	2ª validação dos instrumentos de coleta de dados.	2 professores de Biologia (2ª validação)
<b>4</b>	Modelo <i>Haploid-book</i> , roteiro de atividades ( <u>adaptado</u> ) e questionário	- Identificar tipo de abordagem do conceito de gene; - Validar as correspondências que estruturaram a analogia, - Compreender abrangências e limitações do modelo.	17 professores de Ciências /Biologia
<b>5</b>	Oficina com o modelo <i>Haploid-book</i> (reestruturado)	Discutir e complementar informações sobre as potencialidades e os limites do <i>Haploid-book</i> para o ensino de Genética.	2 professores de Ciências / Biologia
<b>6</b>	Mapeamento estrutural	Analisar na analogia a consistência estrutural, o foco, a sistematicidade e as restrições estruturais (GENTNER, 1983; GENTNER; MARKMAN, 1997).	Não se aplica

Legenda:

- Roteiro de Atividades Original: Roteiro produzido em 2015 juntamente com o *Haploid-book*.
- Roteiro de Atividades Adaptado: O roteiro original foi modificado e validado durante esta pesquisa.
- Modelo *Haploid-book* Reestruturado: O modelo foi reestruturado em 2017 durante pesquisa PIBIC Jr.

Para análise, o modelo didático *Haploid-book* foi adaptado nesta pesquisa e esta adaptação consistiu na retirada das cores azul e rosa. Percebeu-se, na fase de produção do projeto desta pesquisa, que estas cores poderiam levar a uma discussão sobre gênero e a proposta deste estudo é uma reflexão sobre ensino de conceitos de Genética. O *Haploid-book* foi apresentado para os participantes da pesquisa, nas etapas de roteiro e questionários, bem como para aqueles que o validaram e participaram do teste piloto na cor branca.

Antes da realização das seis etapas descritas, o projeto desta pesquisa foi submetido à avaliação do Comitê de Ética em pesquisas com seres humanos, pela Plataforma Brasil, e aprovado com número CAAE 79862017.5.0000.5525. Cada participante da pesquisa recebeu o termo de consentimento livre e esclarecido para conhecimento e consentimento de sua participação – Apêndice A, página 127.

Durante todo o processo de pesquisa, participaram 25 pessoas, sendo 2 estudantes do ensino médio e 23 professores de Ciências / Biologia. A distribuição dos participantes em 6 etapas foi descrita abaixo:

A primeira etapa da pesquisa consistiu em um teste piloto com o roteiro original de atividades (produzido em 2015), respondido por dois estudantes do 3º ano do ensino médio.

Na segunda etapa da pesquisa, esse mesmo roteiro de atividades (original) e um questionário foram respondidos por dois professores de Biologia. Esta etapa consistiu na primeira validação do roteiro de atividades e do questionário. Desta primeira validação, foram realizadas modificações no roteiro de atividades e no questionário, que consistiram principalmente na redução de questões com a finalidade de permitir que os professores pudessem responder em tempo razoável, o que gerou o roteiro adaptado.

Na terceira etapa, o roteiro (adaptado) e o questionário foram novamente validados por outros dois professores de Biologia. O objetivo da validação foi o de verificar se as respostas dos professores estavam de acordo com os objetivos propostos por cada questão, ou se os professores poderiam inferir diferentes interpretações dessas questões.

De posse dos instrumentos de pesquisa validados, na quarta etapa estes dois instrumentos foram respondidos por um grupo de 17 professores de Biologia / Ciências.

Em quinta etapa, realizamos uma oficina específica sobre o modelo *Haploid-book*, em um evento na área de Educação e ensino de ciências, na qual foram discutidos aspectos observados em etapas anteriores e foi também aberto um espaço para que os professores relatassem suas impressões do uso deste modelo didático em sala de aula.

Com os resultados das correspondências levantadas e validadas pelos professores, de Ciências / Biologia em etapas anteriores, foi construído um quadro de correspondências mapeadas, baseado na metodologia de Ferry (2016a). Esse quadro foi instrumento de coleta de dados, em sexta etapa, para análise da consistência estrutural da analogia, foco e sistematicidade da analogia.

A forma de análise dos instrumentos de coleta de dados serão descritos detalhadamente no item a seguir.

### 4.3 Análise dos instrumentos de pesquisa

Em nosso estudo, como o objeto de pesquisa é um modelo didático, ao invés de utilizar os termos domínio base e domínio alvo, seguiremos as mesmas expressões sugeridas por Ferry, Almeida & Almeida (2016), ou seja, utilizaremos o termo “representante” para designar o modelo e “representado” para se referir à entidade de interesse científico.

A sequência metodológica para análise estrutural do modelo analógico *Haploid-book* realizou-se conforme descrito por Ferry (2016b) e foi subdividida em três partes principais: caracterização do modelo didático; mapeamento estrutural e análise das restrições estruturais.

#### 4.3.1 1ª Parte da sequência metodológica de análise: caracterização do modelo didático

A caracterização do contexto de representação do modelo didático por meio da distinção entre o modelo (*Haploid-books*) e a entidade de interesse científico modelada (o cariótipo humano) foi dedicada a entender:

- O que o modelo representa?
- Como o modelo se assemelha e diferencia do representado segundo os professores?
- Em que contexto em sala de aula o modelo é utilizado?
- Quais os conceitos de gene, segundo a literatura, podem ser identificados e inferidos pelos professores a partir do *Haploid-book*?

Para responder essas perguntas, pesquisamos o contexto em que o modelo pode ser aplicado por meio da análise do roteiro de atividades que acompanha o *Haploid-book*; bem como análise de questionário e de oficina.

##### a) Roteiro de atividades

O roteiro de atividades - Apêndice B (p. 129) foi um instrumento importante de análise do contexto de aplicação do *Haploid-book* em uma sala de aula.

Para analisar o roteiro original, produzido em 2015, ele foi aplicado como um teste-piloto em 2 estudantes que estão cursando o 3º ano do curso técnico em Química integrado ao ensino médio e que já haviam visto o conteúdo de Genética no segundo ano.

Como o roteiro foi desenvolvido para aplicação em sala de aula para estudantes do ensino médio, o teste-piloto respondido por eles objetivou uma avaliação inicial se a linguagem do roteiro estava apropriada ao público ao qual se destinava e se os estudantes compreenderam a atividade, bem como as correspondências entre o representante e representado. A aprendizagem do conteúdo de Genética pelo *Haploid-book* não foi objetivo desta pesquisa, apesar de considerarmos este tema tão importante quanto à análise do ensino.

Além da etapa do teste piloto, o roteiro de atividades também foi um instrumento importante nas etapas com os professores participantes da pesquisa. Isto porque ao responderem inicialmente o roteiro de atividades, antes do questionário, o modelo *Haploid-book* pode ser exposto aos professores de acordo com a MECA, que, como vimos, é uma metodologia desenvolvida para a apresentação de analogias. Além disso, o uso da MECA teve também como intenção a apresentação desse modelo didático com menor interferência da pesquisadora, garantindo assim isonomia entre todos os participantes.

O roteiro tinha o objetivo de possibilitar que os professores conhecessem o modelo didático, indicassem correspondências entre o representante e o representado e pudessem externar o que pensavam sobre o modelo pelo questionário, etapa posterior da pesquisa.

Para não ficar muito extenso e permitir que os professores respondessem ao roteiro de atividades e ao questionário em um tempo razoável, o roteiro foi reduzido às questões principais: 1, 2, 5, 6, 7 e 8. Na questão 1, também foram reduzidas as características apresentadas e, na questão 5, foram retiradas as alternativas “b”, que é contemplada na atividade de fazer o quadro de semelhanças e diferenças, e “c”, que era uma extrapolação à atividade. Além do motivo tempo, a retirada das questões 3 e 4 também teve como objetivo permitir que os professores avaliassem as possíveis correspondências a partir da diminuição de questões que descreviam a analogia e que, portanto, poderiam influenciar em respostas do questionário sobre as potencialidades.

Ao responderem o roteiro, os professores da etapa da primeira validação indicaram também em cada questão do roteiro quais os conteúdos de Genética foram trabalhados. Esses dados foram utilizados posteriormente em uma questão do questionário.

## b) Questionário

O questionário, Apêndice C desta dissertação, (p. 133), foi construído com o objetivo de indagar sobre o conceito de gene abordado no *Haploid-book*, discorrendo também sobre as correspondências exploradas neste modelo entre o representante e o representado, estruturadas pela validação.

A produção do questionário foi realizada a partir dos seguintes procedimentos: elaboração de questões, validação e aplicação. Segundo Gil (2002), não existe normas rígidas a respeito da elaboração de questionários, mas devem ser respeitadas algumas práticas como, por exemplo, que as questões abriguem ampla gama de respostas possíveis e contenham instruções acerca do seu adequado preenchimento, preferencialmente, com caracteres gráficos diferenciados.

O questionário é composto de cinco questões, sendo a maioria de múltipla escolha, mas que continham espaço para que os participantes pudessem fazer observações. As duas primeiras estão relacionadas à análise de quais modelos e conceitos de genes podem ser identificados e inferidos a partir do modelo *Haploid-book*, bem como destes, qual o modelo de função gênica e conceito que sobressaem.

Diante da grande variabilidade de conceitos descritos na literatura, as seguintes categorias de conceitos de genes foram propostas para a análise do modelo *Haploid-book*: “gene mendeliano”, “gene clássico”, “gene bioquímico-clássico”, “gene molecular clássico”, “concepção informacional”, “gene molecular processual”, “gene-P” e “gene-D”. A seleção desses conceitos ocorreu após estudo da literatura, principalmente de pesquisas que realizaram análise categórica dos conceitos de gene e considerou também o nível de ensino para qual o *Haploid-book* foi proposto. Os conceitos abordados nesta pesquisa se aproximam dos conceitos abordados por Santos (2008), que realizou análise de livros didáticos de mesmo nível de ensino – o ensino médio. Neste estudo, além dos conceitos trabalhados por Santos (2008), também acrescentou-se o conceito de “gene molecular processual”.

Cada conceito de gene foi representado na questão 1 por uma frase. Estes conceitos estão descritos no Quadro 5, a seguir:

Quadro 5 – Conceitos de genes abordados no questionário, sua respectiva descrição em cada alternativa e classificação, segundo os modelos de função gênica.

Modelos de Função Gênica	Conceito de Gene	Descrição da Afirmativa	Afirmativa
Mendeliano (GERICKE; HAGBERG, 2007)	Mendeliano	Um gene é unidade de herança responsável pela transmissão e determinação dos caracteres.	A
	Gene-P	Um gene é um determinador de fenótipos ou diferenças fenotípicas.	F
Clássico (GERICKE; HAGBERG, 2007)	Clássico	Os genes são partículas indivisíveis, dispostos no cromossomo, um seguido do outro, como contas de um colar e responsável pela determinação de caracteres.	B
Bioquímico-clássico (GERICKE; HAGBERG, 2007)	Bioquímico-clássico	O gene é um produtor ativo de enzimas.	D
Neoclássico (GERICKE; HAGBERG, 2007)	Gene Molecular Clássico	Um gene é uma sequência contínua de bases que codifica um único produto funcional (polipeptídeo ou RNA).	C
ou denominado Modelo Molecular informacional (SANTOS; JOAQUIM; EL-HANI, 2012)	Concepção Informacional	Um gene é uma estrutura informacional no DNA, portador de mensagens ou instruções para o desenvolvimento e funcionamento orgânico.	E
Moderno (GERICKE; HAGBERG, 2007)  ou denominado  Situação atual, conceito “em fluxo” (EL-HANI, 2014)	Gene-D	Um gene é um recurso para o desenvolvimento, lado a lado com outros recursos (epigenéticos, ambientais) igualmente importantes.	G
	Gene molecular Processual	Um gene é um processo que inclui sequências de DNA e outros componentes, que participam na expressão de um produto polipeptídico ou um RNA particular.	H
	Outros	Outro conceito que possa ser inferido a partir do <i>Haploid-book</i> que não foi listado na questão 1.	Outro

Fonte: Patiño (2017) modificado. No quadro estão representados as categorias de modelos de função gênica e conceitos de gene descritas por Gericke & Hagberg (2007) e modificadas por Santos, Joaquim & El-Hani (2012) e El-Hani (2014).

Com o objetivo de mensurar atitude dos professores diante das afirmações, a terceira questão continha 12 afirmativas que relacionavam o *Haploid-book* a conceitos de Genética e solicitava que os professores indicassem um valor de acordo com escala Likert, de 4 a 1. A opção 4 significava “Concordo totalmente”, a 3 “Concordo Parcialmente”, a 2 “Discordo Parcialmente” e 1 “Discordo Totalmente”.

As afirmativas foram obtidas do mapeamento inicial realizado por Gouveia et al. (2015) e de correspondências citadas no quadro de semelhanças e diferenças da MECA pelos participantes do teste piloto e da primeira validação do roteiro de atividades.

Na quarta questão foram elencados “conceitos básicos de genética” que poderiam ser trabalhados no *Haploid-book*. Esses conceitos haviam sido previamente descritos em Gouveia et al. (2015) e também pelos professores que participaram da primeira validação como propósitos da atividade didática. Os professores foram questionados se concordavam que estes conceitos poderiam ser ensinados aos estudantes utilizando o modelo *Haploid-book* e também quais outros conceitos podem ser abrangidos pelo modelo, mas que não foram abordados no roteiro.

A quinta questão foi uma pergunta aberta que indagava quais conceitos poderiam gerar conflitos, confusões ou incompreensões sobre o *Haploid-book*.

A validação ocorreu com a participação primeiramente de 2 professores de Biologia e, em seguida, outros 2 professores de Biologia.

Após processo de validação, o questionário final foi o aplicado a 17 professores. A escolha desses participantes obedeceu ao critério de que todos deveriam atuar como professores de Ciências / Biologia, preferencialmente no ensino médio, visto que o objeto de pesquisa foi um material didático produzido para esse nível de ensino.

### **c) Oficina**

Nos dias 27 e 28 de outubro de 2017 foram realizadas palestras, relatos de experiências e oficinas no evento “Diálogos: Ensinar Ciências na Educação Básica e Profissional”. Esse evento é oferecido pelo CEFET-MG e tem como objetivo “aproximar professores de ciências do ensino médio da rede pública de ensino de Minas Gerais por meio de relatos de práticas educativas protagonizadas por esses professores e consideradas por eles significativas” (CEFET-MG/Coordenação de Área de Ciências, 2017).

Este evento é aberto ao público e sua inscrição para participação é gratuita. Os professores de Ciências da rede pública foram convidados a participar de palestras, oficinas e também a fazer relatos de suas práticas educativas.

Uma das oficinas oferecidas no evento teve como tema a discussão do ensino de Genética por meio de modelos e foi organizada e conduzida, além da pesquisadora, por duas professoras da coordenação de Ciências que conheciam o *Haploid-book*. Essa oficina foi denominada de “Ensino de Genética por meio de um modelo Analógico” e nela se inscreveram cinco professores da rede Estadual, contudo, no dia da oficina, somente dois compareceram.

Nessa oficina, os professores participantes foram instigados a citar recursos didáticos que utilizam em suas práticas para ensinar conceitos de termos básicos de Genética para o ensino médio. Dentre os vários recursos citados, os professores foram questionados posteriormente sobre o que compreendem de modelos didáticos e de analogias e sobre as possibilidades de uso desses recursos em sala de aula.

Em seguida, foi apresentado aos professores o modelo *Haploid-book*, acompanhado de questionário composto por 4 questões elaboradas para a oficina e detalhadas a seguir:

Na primeira questão, os professores, de posse do modelo (um livro ovócito e um livro espermatozoide), deveriam descobrir quais as características resultantes do indivíduo formado. Diferentemente do roteiro original produzido segundo a MECA, neste não foram dadas instruções adicionais de como os professores poderiam prever os resultados.

Em questão seguinte, foram discutidos quais critérios os professores utilizaram para descobrir como poderia ser o fenótipo do indivíduo da questão anterior.

Na terceira questão, de posse de um conjunto de 8 livros *Haploid-books*, os professores tiveram de identificar qual é a dupla de livros (um ovócito e um espermatozoide) que deveriam ser combinados para formar um indivíduo com um conjunto simultâneo de características.

Por último, os professores discutiram possibilidades do uso do *Haploid-book* em sala. As discussões foram anotadas a fim de que pudessem ser analisadas posteriormente.

O roteiro da oficina continha ainda uma quarta questão que solicitava aos professores que produzissem um quadro de semelhanças e diferenças entre o *Haploid-book* e o genoma. O tempo da oficina não foi suficiente para o término desta última atividade.

Na data em que ocorreu a oficina, o *Haploid-book* estava reconstruído, após pesquisa de iniciação científica (PIBIC-Jr, edital 136/2016), contendo novas características e

ilustrações. Além disso, ao invés de um conjunto de 6 livros, o Modelo *Haploid-book* foi reestruturado para um total de 8 livros (resultados de um processo de simulação de uma possível divisão meiótica). De posse desse modelo e da possibilidade de discutir com professores o modelo atual, foi apresentado ao grupo da oficina esse modelo reestruturado (Figura 3 e 4). As figuras 3 e 4 apresentam as páginas 16 e 17 do Modelo *Haploid-book* ovócito B reestruturado e do modelo *Haploid-book* espermatozoide A reestruturado, respectivamente.

Com a finalidade de distinguir o livro ovócito do livro espermatozoide e facilitar seu manuseio, ainda mais porque em uma questão cada professor recebeu simultaneamente o conjunto de oito livros, o livro ovócito foi impresso na cor verde e o livro espermatozoide na cor amarela.

Figura 3 – Modelo *Haploid-book*: ovócito reestruturado.



Fonte: Arquivo pessoal (2017).

Figura 4 – Modelo *Haploid-book*: espermatozoide reestruturado.



Fonte: Arquivo pessoal (2017).

Como forma de comparação do livro reestruturado com o *Haploid-book* produzido em 2015, nas Figuras 3 e 4 consta a página 16 referente à característica sobrancelha, contudo, com mudanças na escrita do título, adição de desenhos e de símbolos referentes ao genótipo.

Todos os participantes foram informados do objetivo da pesquisa e convidados voluntariamente a participar. Na oficina, os 2 participantes assinaram o Termo de Consentimento Livre e Esclarecido, dando concordância de sua participação. Para registro, durante toda a oficina foi utilizado aplicativo de aparelho celular que grava áudios e, além disto, também foram realizadas anotações.

O roteiro da Oficina está presente no Apêndice D (p. 138).

#### **d) Análise dos dados coletados no roteiro, questionário e oficina:**

Os resultados do roteiro de atividades, do questionário e da oficina foram submetidos à análise de conteúdo (BARDIN, 2011).

Segundo Bardin (2011), a análise de conteúdo, enquanto método, consiste em um conjunto de técnicas de análise das comunicações que utiliza procedimentos sistemáticos e objetivos de descrição do conteúdo das mensagens. Sobre os métodos e técnicas, Bardin (2011) descreve as seguintes etapas: a organização da análise; a codificação dos resultados; as categorizações; as inferências e, por fim, a informatização da análise das comunicações.

Nessa análise, as respostas foram reunidas em unidades que compartilhavam características identificadas por critérios semânticos, ou seja, relativos ao mesmo significado.

Das respostas do roteiro de atividades e do questionário foram obtidos novos dados para a construção do mapeamento estrutural segundo metodologia descrita a seguir. O quadro do mapeamento foi posteriormente analisado conforme suas restrições estruturais.

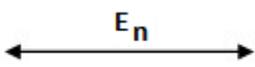
#### 4.3.2 2ª parte da sequência metodológica de análise: Mapeamento Estrutural

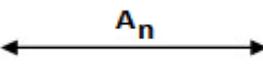
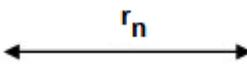
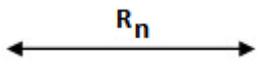
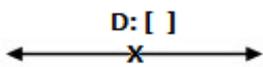
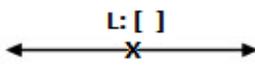
A segunda parte da sequência metodológica de análise desta pesquisa foi dedicada à produção do mapeamento estrutural do modelo *Haploid-book* em correspondência com a entidade de interesse científico modelada. A sequência metodológica do mapeamento estrutural proposta nesta pesquisa foi desenvolvida originalmente por Ferry & Paula (2015) e Ferry (2016a) na qual analisaram estruturalmente analogias enunciadas por um professor de Química, e, para isso, produziram um padrão de representação, baseado na Teoria do Mapeamento Estrutural de Gentner (1983).

Segundo Ferry (2016a), este padrão de representação, embora seja diferente do usado por Gentner (1983), possibilita a identificação não somente de elementos ou atributos em cada domínio, mas também de relações estabelecidas entre atributos e elementos, bem como de relações de ordem superior postuladas entre relações de primeira ordem.

Em pesquisa realizada por Ferry, Almeida & Almeida (2016), esse padrão de representação foi aprimorado para análise de modelos didáticos. O padrão produzido para análise de modelo está representado no Quadro 6.

Quadro 6 – Padrão de representação das correspondências estruturais desenvolvido para análise de modelos didáticos.

Modelo	Representação das Correspondências	Entidade de Interesse Científico Modelada
<b>Elemento representante</b>		<b>Elemento representado</b>
Um dos elementos que compõem o modelo	Correspondências entre elementos são representadas por uma seta bidirecional acompanhada da letra <b>E</b>	Um dos elementos que compõem a estrutura modelada

<b>Atributos do elemento representante</b>		<b>Atributos do elemento representado</b>
Predicados de um elemento do modelo baseados em uma única característica	Correspondências entre atributos são representadas por uma seta bidirecional acompanhada da letra <b>A</b>	Predicados de um elemento da entidade de interesse científico baseados em uma única característica
<b>Relações de 1ª ordem</b>		<b>Relações de 1ª ordem</b>
Relações entre dois ou mais elementos do modelo ou entre suas características	Correspondências entre relações de menor complexidade serão representadas por uma seta bidirecional acompanhada da letra <b>r</b>	Relações entre dois ou mais elementos da entidade de interesse científico ou entre suas características
<b>Relações de ordem superior</b>		<b>Relações de ordem superior</b>
Relações estabelecidas entre relações previamente postuladas entre elementos do modelo	Correspondências entre relações de maior complexidade serão representadas por uma seta bidirecional acompanhada da letra <b>R</b>	Relações estabelecidas entre relações previamente postuladas entre elementos da entidade de interesse científico.
<b>Atributos dos elementos representantes ou relações entre esses elementos/atributos</b>		<b>Atributos dos elementos representados ou Relações entre esses elementos/atributos</b>
Aspectos de algum atributo ou relação do modelo que são diferentes da entidade modelada.	Diferenças alinháveis são codificadas com a letra <b>D</b>	Aspectos de algum atributo ou relação presente na entidade de interesse científico que são diferentes do modelo.
<b>Atributos dos elementos representantes ou Relações entre esses elementos/atributos</b>		<b>Atributos dos elementos representados ou Relações entre esses elementos/atributos</b>
Aspecto do modelo que não se aplicam ou que não podem ser transferidos para a entidade modelada.	Limitações da representação são codificadas com a letra <b>L</b>	Atributos ou relações presentes na entidade de interesse científico que não estão representadas.

Fonte: Ferry, Almeida & Almeida (2016), adaptado de Ferry (2016a).

Na representação descrita no Quadro 6, as correspondências estão representadas com setas bidirecionais. Ferry (2016a) orienta, primeiramente, o mapeamento em correspondência dos elementos ( $E_n$ ), dos atributos dos elementos ( $A_n$ ), relações de primeira ordem ( $r_n$ ) e segunda ordem ( $R_n$ ). Em seguida foram identificadas e alinhadas diferenças alinháveis ( $D_n$ ), bem como identificadas as limitações ( $L_n$ ).

De acordo com Ferry (2016b) entende-se como diferenças alinháveis aspectos de algum atributo ou relação do modelo que são diferentes da entidade modelada, enquanto as limitações são características ou relações presentes na entidade de interesse científico que não estão representadas no modelo, ou aspectos do modelo que não se aplicam ou que não podem ser transferidos para a entidade modelada. Na representação, para diferenciar limitações e diferenças alinháveis de outros tipos de correspondências, as setas bidirecionais são assinaladas com o sinal gráfico “X” (FERRY, 2016a).

Nesta etapa da pesquisa identificaram-se e alinharam-se os elementos, atributos, relações de ordem estrutural e relações de ordem superior do representante e do representado, bem como as limitações e diferenças alinháveis.

Ainda segundo a metodologia desenvolvida por Ferry (2016b), para análise de modelos didáticos o mapeamento pode ser construído com foco contextual ou com foco potencial. O foco contextual refere-se aos atributos e às relações que podem ser mapeadas segundo o foco dado pelo professor ou autor do livro didático ou outro em uma situação específica. O foco potencial refere-se à possibilidade de explorar mais atributos e/ou relações do que os explorados em determinado contexto. Neste trabalho buscou-se realizar o mapeamento, segundo o foco potencial a fim de compreender as potencialidades do *Haploid-book* utilizando para isto dados do roteiro de atividades e do questionário.

Com a elaboração do mapeamento, seguiu-se para etapa seguinte referente à análise das restrições estruturais.

#### **4.3.3 3ª parte da sequência metodológica de análise: restrições estruturais**

A terceira parte da sequência de análise ocorreu depois de realizado o mapeamento, na qual foram analisadas as características estruturais (consistência estrutural, foco e sistematicidade) descritas por Gentner & Markman (1997).

Para possuir consistência estrutural, duas características foram verificadas: a correspondência um-a-um entre os elementos representados e os elementos representantes; e

também a conectividade em paralelo entre os argumentos dos atributos e as relações representadas e os argumentos dos atributos e relações representantes.

Na análise do foco se distingue foco em atributos e foco em relações. Ferry (2016b) destaca que modelos com o foco em atributos definem-se como *representações de mera-aparência*, enquanto modelos com foco em relações conceituam-se como *modelos relacionais*.

A última restrição estrutural, a sistematicidade, foi definida como a forma em que as relações representantes se interconectam. A sistematicidade pode ser caracterizada como alta ou baixa. Ferry (2016b) considera que a sistematicidade será alta quanto maior for o número de relações de ordem superior representantes e quanto maior for o número de relações de ordem estrutural representantes interconectadas por relações de ordem superior. A sistematicidade será baixa quanto maior for o número de relações de ordem estrutural representantes não conectadas, tidas como predicados isolados no modelo.

A análise da sistematicidade considera atualmente níveis como alto e baixo e não se encontrou para modelos didáticos uma forma de expressar esta sistematicidade em uma escala numérica. Dessa forma, propôs-se nesta dissertação uma possibilidade de avaliar a sistematicidade a partir de uma escala que varia de 0 a 4 que foi descrita no Quadro 7.

Quadro 7 – Critérios utilizados na pesquisa para análise do nível de sistematicidade.

Relações representantes			Nível de Sistematicidade	
Relação estrutural	Relação de 2ª ordem	Interconectadas	Escala	Nível
Sem relações	-----	-----	0	Baixo
Presença	-----	-----	0	
Presença	Presença	Somente 1 relação interconectada.	0,5	
Poucas (até 3)	Poucas (até 3)	2 relações estruturais mapeadas interconectadas	1,0	
Muitas	Poucas (até 3)	Algumas relações estruturais mapeadas interconectadas	1,5	
Poucas (até 3)	Poucas (até 3)	Todas relações estruturais mapeadas interconectadas	2	
Poucas (até 3)	Muitas (acima de 3)	2 relações estruturais mapeadas interconectadas	2	
Poucas (até 3)	Muitas (acima de 3)	Todas relações estruturais mapeadas interconectadas	2,5	
Muitas (acima de 3)	Muitas (acima de 3)	Algumas (Acima de 3) relações estruturais mapeadas interconectadas	3	Alta
Muitas (acima 3)	Muitas (acima 3)	Todas relações estruturais mapeadas interconectadas	3,5	
Muitas (acima 3)	Muitas (acima 3)	Todas relações estruturais mapeadas interconectadas e presença de muitas relações de ordem superior a partir de relações de ordem superior.	4	

Fonte: Produzido pelos autores.

Os critérios propostos nesta dissertação foram criados a partir de análises realizadas em mapeamentos produzidos por Ferry; Almeida & Almeida, (2016), Ferry (2016a), Alvarenga (2017), Portela (2017), Gouveia et al. (2017) e Murta (2017).

## 5 RESULTADOS, ANÁLISES E DISCUSSÕES

### 5.1 Perfil dos participantes

Abaixo segue a descrição do perfil dos participantes dos dois grupos: o primeiro é de professores que responderam ao roteiro de atividades e questionário, e o segundo é de professores que participaram da oficina.

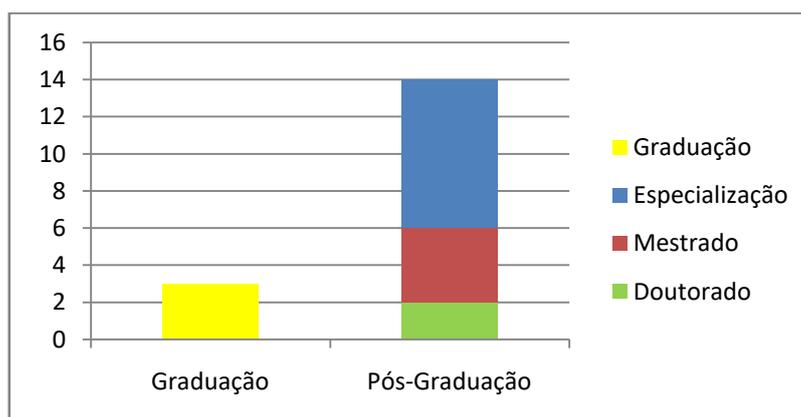
#### a) Grupo de professores que responderam o roteiro e o questionário

Os 17 participantes desse grupo foram identificados com as iniciais PRQ - referente a Participante\_roteiro\_questionário.

Todos os 17 professores participantes da pesquisa possuem Licenciatura em Ciências Biológicas. Dentre estes professores, 7 participantes afirmaram possuir, além da licenciatura, bacharelado na mesma área.

Ainda sobre a formação acadêmica, 14 participantes, ou seja, a maioria possui pós-graduação. Dos 17 professores, 3 possuem exclusivamente o curso de graduação, 8 possuem especialização na áreas de Ciências, 4 professores possuem mestrado e 2 professores possuem doutorado conforme Gráfico 1.

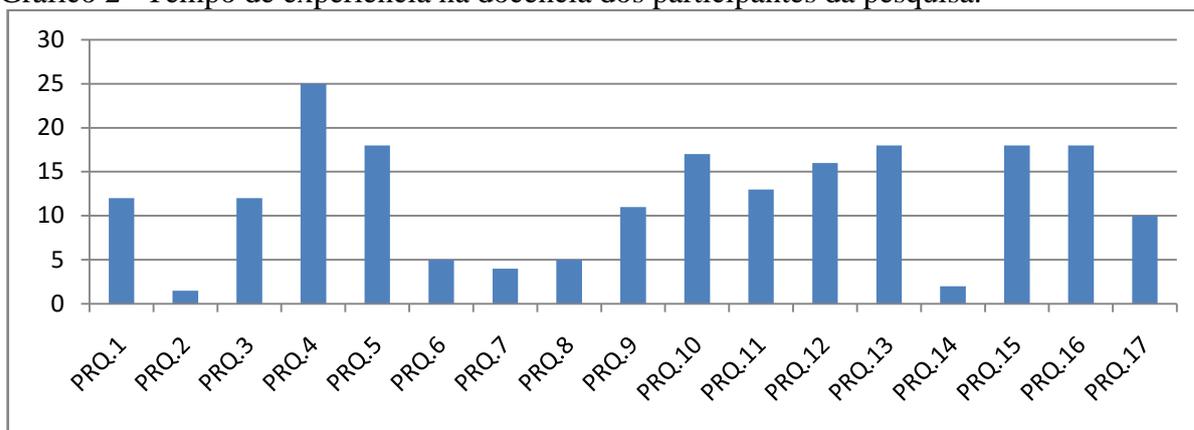
Gráfico 1– Escolaridade dos participantes da pesquisa



Fonte: Dados desta pesquisa (2017)

Sobre a experiência profissional, a faixa do tempo de experiência variou de 1 ano e meio a 25 anos de docência, sendo que a maioria, 11 participantes dos 17, possuem pelo menos 10 anos de experiência. O tempo de experiência na docência de cada participante é descrito no gráfico 2.

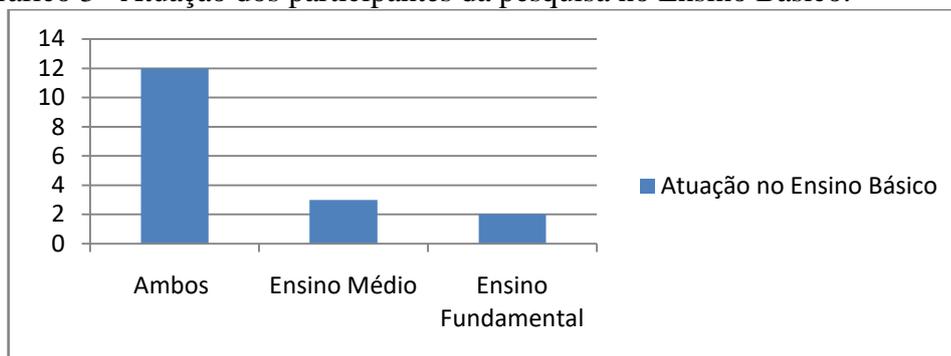
Gráfico 2– Tempo de experiência na docência dos participantes da pesquisa.



Fonte: Dados desta pesquisa (2017)

A maior parte dos professores atuou em ambos os ensinos, tanto no fundamental quanto no médio, totalizando 12 participantes. Afirmaram trabalhar exclusivamente com ensino fundamental 2 professores e exclusivamente com o ensino médio 3 professores conforme gráfico 3:

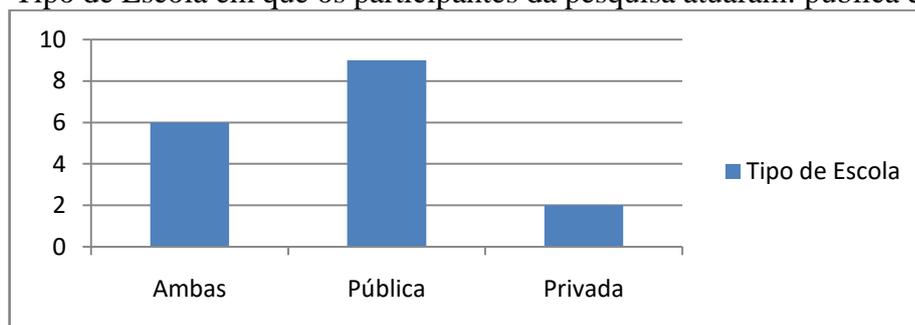
Gráfico 3– Atuação dos participantes da pesquisa no Ensino Básico.



Fonte: Dados desta pesquisa (2017)

Sobre o tipo de escola em que atuaram, dos 17 professores, 2 participantes atuaram em escola privada, 9 em escolas públicas e 6 em ambas. Esses dados estão no gráfico 4:

Gráfico 4 – Tipo de Escola em que os participantes da pesquisa atuaram: pública e/ou privada.



Fonte: Dados desta pesquisa (2017)

Sobre a experiência no ensino de Genética, 14 professores dentre os 17 relataram terem dado aula de Genética no ensino médio.

**b) Grupo de professores que participaram da oficina no evento “Diálogos” (CEFET-MG)**

A descrição deste perfil está de acordo com informações expostas pelos professores durante etapa de apresentação na oficina.

Na oficina, os dois participantes consentiram em participar da pesquisa. Ambos lecionam em escolas públicas do estado de Minas Gerais. Um é licenciado em Ciências Biológicas e trabalha com Biologia no ensino médio. Ele informou que utiliza mais o livro como material didático de apoio. O segundo professor é licenciado em Física e mestre em Educação, e trabalha com projetos de aprendizagem em Ciências para o ensino fundamental. O tempo de experiência como docentes é de 9 e 19 anos, respectivamente. Esses participantes foram identificados com as iniciais OF. - referente à oficina.

## **5.2 Caracterização do contexto de representação do modelo didático**

Conforme descrito na metodologia, o contexto de representação do modelo didático foi identificado a partir da análise do roteiro didático, do questionário e, também por uma oficina. Segue abaixo o resultado de cada instrumento de coleta de dados realizado:

### **5.2.1 O roteiro de atividades**

O roteiro de atividades, respondido primeiramente por 2 estudantes, validado em seguida em duas etapas por 4 professores de Biologia e, posteriormente, respondido por um grupo de 17 professores de Biologia, indicou diferentes correspondências entre o modelo analógico e o cariótipo humano. Algumas dessas correspondências se assemelham às descritas por Gouveia et al. (2015), mas também foram evidenciadas novas correspondências.

Antes da apresentação dos resultados do roteiro adaptado, abaixo, estão descritos os principais resultados observados durante o teste piloto e o processo de validação.

### a) Teste piloto respondido por estudantes

O teste piloto foi realizado com dois estudantes que estavam cursando o terceiro ano do ensino médio do CEFET-MG e que tiveram aulas de Genética no ano anterior, 2016. Ambos os estudantes apresentaram médias escolares acima de 90 e, além disso, relataram interesse no conteúdo de Genética.

Os participantes foram identificados nesta pesquisa com as iniciais Al. (referente a aluno).

A realização do teste piloto ocorreu em um mesmo momento. Inicialmente, foi realizada apresentação da pesquisadora e dos objetos de pesquisa, além do termo de consentimento. Após instruções iniciais, os dois estudantes responderam o roteiro, de forma individual e sem interação entre eles bem como, com a pesquisadora.

Os principais resultados percebidos foram:

- Os estudantes compreenderam e não apresentaram dificuldades em responder as oito questões do roteiro, segundo os objetivos propostos pelas atividades;
- Os estudantes compreenderam a analogia entre o cariótipo e o modelo didático. Esse resultado foi identificado em todas as respostas do roteiro e foi evidenciado principalmente no quadro baseado na MECA, em que os estudantes descreveram semelhanças e diferenças que perceberam entre *Haploid-book* e o material genético presente nas células, conforme Quadros 8 e 9 respectivamente:

Quadro 8– Semelhanças entre o Modelo *Haploid-book* e o DNA, de acordo com os estudantes participantes do teste piloto.

<b>SEMELHANÇAS</b>			
	<b><i>Haploid-Book</i></b>	<b>DNA</b>	<b>Participantes</b>
1	23 páginas em cada livrinho	23 páginas em cada cromossomo	Al.1, Al.2
2	Os livros combinados determinam o genótipo do filho	Os genes presentes no ovócito e no espermatozoide combinados também determinam o genótipo.	Al.1 , Al.2,
4	Cada característica está representada na mesma página	O gene que determina cada característica se encontra na mesma posição em cada	Al. 1

	dos livros.	cromossomo.	
6	As páginas dos livros apresentam a descrição de mais de uma característica	Os cromossomos apresentam vários genes.	Al.2

Fonte: Dados desta pesquisa (2017)

Quadro 9 – Diferenças entre o Modelo *Haploid-book* e o DNA, de acordo com os estudantes participantes do teste piloto.

<b>DIFERENÇAS</b>			
	<b><i>Haploid-Book</i></b>	<b>DNA</b>	<b>Participante</b>
1	Poucas características em cada página	Muitos genes em cada cromossomo.	Al.1
3	Cor dos olhos e da pele determinados por herança por dominância completa.	Cor dos olhos e da pele determinados por herança quantitativa.	Al.2
4	A causa para o gene se expressar é somente por dominância completa	Existem outras causas para o gene se expressar.	Al.2
5	Aparência		Al.2

Fonte: Dados desta pesquisa (2017)

- Os estudantes ao final da atividade deram sugestões de modificações no modelo *Haploid-book* relacionadas ao acréscimo de características nas páginas do modelo, como, por exemplo, a herança para miopia, polidactilia, habilidade manual (se destro ou canhoto) e também herança para genes letais (acondroplasia).

Como o *Haploid-book* não havia sido aplicado ainda numa sala de aula, o teste piloto foi um importante instrumento de pesquisa por permitir perceber algumas impressões desses estudantes quanto à analogia.

A análise desses resultados indicou que o roteiro de atividades apresentou uma linguagem compreensível aos estudantes. Além disso, levando em consideração a quantidade de semelhanças e de diferenças que os estudantes identificaram sem orientações adicionais além daquelas descritas no roteiro, bem como a extrapolação dos estudantes ao fazerem sugestões, este modelo pode ser um bom recurso para permitir que os estudantes analisem e reflitam as semelhanças e as diferenças a partir de discussões, direcionadas por um professor,

sobre a abrangência e os limites do modelo didático e dos conceitos de genética que nele estão representados. Sobre este último destaca-se a importância da delimitação do modelo de função gênica ao qual o *Haploid-book* apresenta para a reflexão e discussão em sala de aula de conceitos, como observado na frase do aluno A1.2: “O gene que determina cada característica se encontra na mesma posição em cada cromossomo” (*grifo nosso*).

### b) Validação do roteiro de atividades com professores

Como o roteiro foi desenvolvido de acordo com a Metodologia de Ensino com Analogias (MECA), no quadro 10 foram enumerados os passos da MECA e indicado na segunda coluna as atividades do roteiro original que estão relacionadas aos respectivos passos. Após processo de validação, o roteiro foi modificado e reduzido às questões descritas na terceira coluna. Na quarta coluna segue análise cada atividade.

Quadro 10– Comparação entre o roteiro de atividades original e o roteiro adaptado, após validação, segundo a Metodologia de Ensino com Analogias (MECA)

<b>Passos da MECA</b>	<b>Atividades do roteiro original</b>	<b>Atividades do roteiro adaptado</b>	<b>Descrição da atividade segundo a MECA</b>
<b>1. Área de conhecimento:</b>	Ciências / Biologia	Ciências / Biologia	_____
<b>2. Assunto:</b>	Conceitos de Genética	Conceitos de Genética	_____
<b>3. Público:</b>	Estudantes do último ano do Ensino médio.	Professores de Biologia (pesquisa)	_____
<b>4. Veículo:</b> (Representante/ Domínio Base)	Atividade 1 (9 características)	Atividade 1 (4 características)	Apresentação do veículo (Modelo didático <i>Haploid-book</i> )
<b>5. Alvo:</b>	Atividade 2: a, b e c	Atividade 2: a, b e c	Apresentação do alvo
<b>6. Descrição da analogia:</b>	Atividade 3	Atividade 3: (5a do roteiro original)	Associações entre o modelo didático com os cromossomos e com uma representação do cariótipo humano.
	Atividade 4: a e b		
	Atividade 5: a, b e c		
<b>7. Quadro de semelhanças e diferenças:</b>	Atividade 6	Atividade 4: (6 do roteiro original)	Reflexão das semelhanças e diferenças observadas pelos participantes.

<b>8. Reflexões:</b>	Atividade 7	Atividade 5: (7 do roteiro original)	Reflexão de limites do modelo.
<b>9. Avaliação:</b>	Atividade 8	Atividade 6: (8 do roteiro original)	Avaliação do entendimento da analogia e estímulo para a criação de novas analogias / modelos.

Fonte: Dados desta pesquisa (2017)

Apesar da diminuição de atividades do roteiro original para que posteriormente fosse respondido pelos professores sujeitos desta pesquisa, percebe-se, segundo o Quadro 10, que os nove passos da MECA permaneceram no roteiro modificado. As atividades 5a, 6, 7 e 8 foram renomeadas no roteiro adaptado entregue aos sujeitos da pesquisa, respectivamente de 3, 4, 5 e 6.

Além de mudanças no número de atividades, a primeira validação com dois professores contribuiu para a adequação do roteiro de acordo com as mudanças sugeridas por esses e descritas abaixo:

- Mudança na ordem das características da atividade 1 para que estivessem descritas de acordo com a ordem das páginas do *Haploid-book* ;
- Mudanças de expressões inapropriadas como, por exemplo, a alteração da expressão “diferenciando o gênero” para a expressão “diferenciando o sexo biológico”;
- Retirada de termos redundantes como de “anomalias genéticas relacionadas ao número ou à morfologia de cromossomos” para “anomalias relacionadas ao número ou à morfologia de cromossomos”;
- Mudanças nas questões relacionadas a semântica como por exemplo “características herdadas pelos nossos pais” para “características herdadas dos nossos pais”;
- Mudanças no quadro de semelhanças e diferenças com alteração do termo no domínio alvo de “DNA” para “cariótipo” e inclusão de figuras representativas dos domínios nos quadros.

Além das mudanças sugeridas, os professores que participaram da validação escreveram ao lado das atividades do roteiro quais os conceitos de Genética poderiam ser trabalhados em cada atividade. Esses conceitos foram incluídos como uma questão do questionário e, posteriormente, os outros 17 professores da pesquisa foram indagados se

concordavam que o modelo poderia abranger esses conceitos de Genética e / ou se percebiam outros.

A segunda validação ocorreu com outros dois professores. Nessa segunda validação, percebeu-se que os professores compreenderam todas as atividades do roteiro e que sugeriram mudanças relacionadas somente à alteração de palavras segundo as novas regras de ortografia. Após essa segunda validação, o roteiro foi respondido por um grupo de 17 professores. Os resultados da resposta de cada atividade estão descritos no item a seguir.

### **c) Análise das respostas de cada atividade do roteiro adaptado**

#### **Atividade 1**

Sabendo-se que o modelo didático apresenta 3 tipos distintos de *Haploid-book* ovócito (A, B, e C) e de *Haploid-book* espermatozoide (A, B, e C), para cada participante foi entregue um conjunto com um tipo ovócito e um tipo espermatozoide de forma aleatória.

Na atividade 1, de posse desse material, os participantes deveriam prever quatro características fenotípicas resultantes de um indivíduo: queixo, tipo de cabelo, sobrelha e sardas. Para encontrar a característica que seria expressa, os participantes deveriam comparar as descrições nos dois livros e, na presença de alguma com descrição em letras maiúsculas, esta deveria sobressair sobre a descrição em letras minúsculas.

Como são seis exemplares (3 masculinos e 3 femininos) distribuídos dois a dois, ao todo, existe a possibilidade de obter nove fenótipos resultantes. Um destes nove resultados possíveis está exemplificado no Quadro 11, que apresenta como as características estão descritas em cada página do modelo didático e na última coluna o fenótipo resultante da combinação de dois livros. Neste exemplo, cita-se qual o resultado fenotípico da combinação (*Haploid-book* ovócito A) + (*Haploid-book* espermatozoide A).

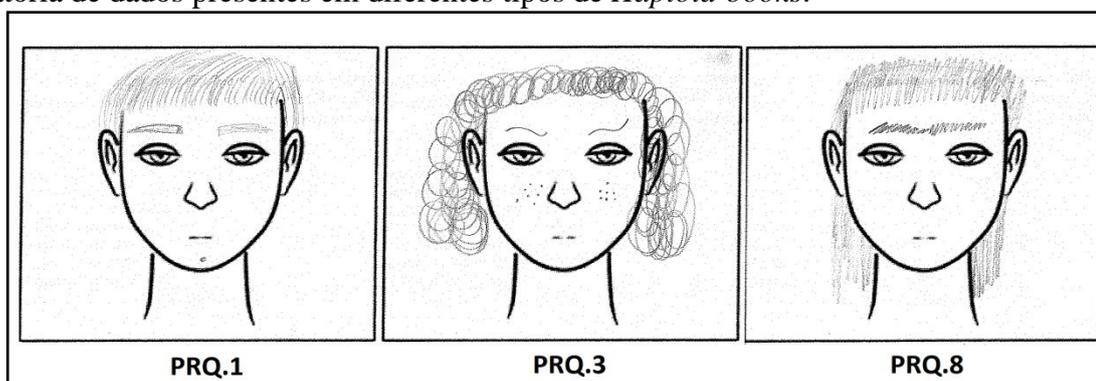
Quadro 11– Fenótipo resultante da combinação entre os modelos didáticos: *Haploid-book* ovócito A e *Haploid-book* espermatozoide A.

<b>Característica</b>	<b><i>Haploid-book</i> Ovócito A</b>	<b><i>Haploid-book</i> Espermatozoide A</b>	<b>Fenótipo Resultante</b>
Tipo de Cabelo	Cabelo liso	Cabelo liso	Cabelo liso
Largura da Sobrancelha	Sobrancelha fina	SOBRANCELHA LARGA	SOBRANCELHA LARGA
Separação da Sobrancelha	SOBRANCELHA SEPARADA	Sobrancelha junta	SOBRANCELHA SEPARADA
Sardas	POSSUI SARDAS	Não possui sardas	POSSUI SARDAS
Furo no queixo	NÃO POSSUI FURO NO QUEIXO	Possui furo no queixo	NÃO POSSUI FURO NO QUEIXO

Fonte: Dados desta pesquisa (2017)

Devido à presença de variações alélicas, os professores obtiveram resultados fenotípicos diferentes, dependendo da combinação dos *Haploid-books*, distribuídos aleatoriamente. Na Figura 5, foram colocados alguns desenhos produzidos pelos professores na atividade 1 do roteiro.

Figura 5– Representações fenotípicas, desenhadas por professores, a partir da combinação aleatória de dados presentes em diferentes tipos de *Haploid-books*.



Legenda: PRQ (Identificação do professor participante da pesquisa)

Fonte: Dados desta pesquisa (2017)

Essa variação faz parte da proposta de evidenciar um dos motivos da diversidade genética presente na espécie, reforçando as diferentes possibilidades de formação do genótipo, pela união aleatória de gametas distintos.

A atividade 1 também permitiu aos participantes da pesquisa o manuseio do modelo didático e o início da familiarização com esse objeto de estudo. A apresentação do veículo (termo conforme descrito na MECA e que pode ser entendido neste trabalho como

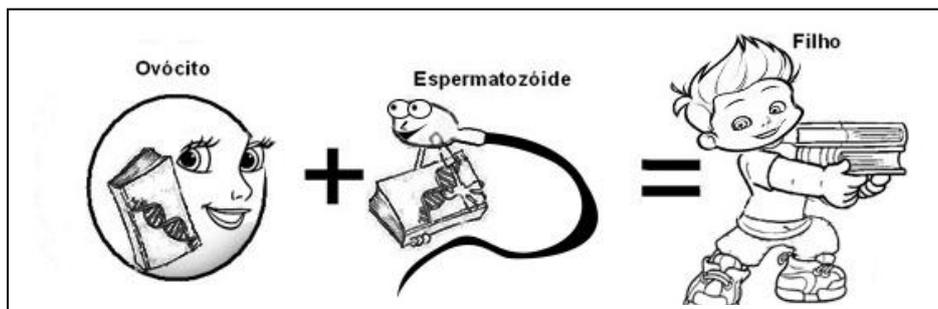
representante) é um passo importante no entendimento de uma analogia devido ao princípio da familiaridade descrito por Nagem, Carvalhães & Dias (2001, p. 202). Eles afirmam que “o veículo deve estar dentro das leituras armazenadas pelo aluno, de forma a assegurar seu domínio daquele nível de abstração”. Mendonça et al. (2006) apontam como um dos fatores que pode contribuir para uma inadequada utilização de analogias no ensino de ciências o uso de domínios análogos que não sejam realmente familiares ao aluno.

Ferry, Almeida & Almeida (2016) argumentam que o princípio da familiaridade, em que análogo geralmente pertence a um domínio familiar ao interlocutor, está presente nas analogias, mas não é encontrado nos modelos didáticos analógicos. Dessa forma, sendo o modelo *Haploid-book* desconhecido para os respondentes, a atividade 1 objetiva apresentar /familiarizar esse modelo para o público.

## Atividade 2

Na atividade 2, o modelo *Haploid-book* é contextualizado ao tema genética por meio de uma metáfora que está presente na ilustração descrita na Figura 6:

Figura 6 – Ilustração presente no roteiro de atividades que contém a seguinte metáfora: “Os gametas feminino e o masculino, cada um portando livros, se unem e formam um indivíduo que carrega ambos os livros”.



Fonte: Gouveia et al. (2015).

Na alternativa “a”, os participantes deveriam descrever o que compreenderam da Figura 6. Na análise, identificaram-se cinco grupos de respostas dos participantes quanto à ilustração. Essas respostas relacionavam essa figura a conceitos de Genética como: diferenciação de células haploides / diploides, aos processos de fecundação e reprodução humana e transmissão de características ou informações genéticas. Esses dados podem ser observados no Quadro 12:

Quadro 12 – Associação pelos professores de uma metáfora (união de dois gametas “carregando” livros) presente no roteiro de atividades com conteúdos de genética.

<b>Associação com Conteúdos</b>	<b>Participantes</b>	<b>Exemplos de respostas dos participantes</b>
Transmissão de características (hereditariedade)	PRQ.1, PRQ.4, PRQ.7, PRQ.8, PRQ.10, PRQ.17	“O filho possui as características herdadas do pai e da mãe.” (PRQ.7)
Informações genéticas	PRQ.2, PRQ.6, PRQ.11, PRQ.13, PRQ.14,	“O conjunto de informações presentes no ovócito e no espermatozoide determinarão a formação do novo indivíduo.” (PRQ.2)
Reprodução humana (fecundação)	PRQ.5, PRQ.9, PRQ.15, PRQ.16	“Fusão de gametas masculino e feminino = fecundação; reprodução humana.” (PRQ.5)
Células haploides (gametas) em união para formação de células diploides	PRQ.12	“A união do espermatozoide (haploide) e do ovócito (haploide) forma um indivíduo diploide.” (PRQ.12)
Constituição genética + Dominante/recessivo	PRQ.3	“O pai e a mãe participam da mesma forma na constituição genética de seus filhos, sendo que algumas características sobressaem, dominantes e outras não, chamadas de recessivas” (PRQ.3)

Fonte: Dados desta pesquisa (2017)

A maior parte dos professores, 12 de um total de 17 compreendeu a ilustração quanto à associação do processo de fecundação e transmissão de características. Um professor, PRQ.12, relacionou a ilustração à diferença da carga genética presente em gametas e acrescentou também a possibilidade de conceituação e diferenciação de uma célula haploide e de uma célula diploide. Quatro professores perceberam somente o processo de fecundação e reprodução humana e não descreveram o significado da presença de “livros” nos gametas e no filho, portanto, não mencionaram a presença da metáfora na ilustração.

O último resultado citado acima, em que quatro professores descreveram a figura somente relacionando à ideia de fecundação / reprodução, não era um resultado esperado nesta pesquisa. Isto porque esse exercício ocorreu em seguida à atividade de manuseio do modelo *Haploid-book* e neste momento previam-se respostas principalmente relacionadas à presença do “livro” na ilustração como, por exemplo, relacionando-o a “transmissão de características genéticas” e à “carga genética dos gametas e do indivíduo”, como ocorreu também no teste piloto e nas validações. Acredita-se que esse resultado pode estar relacionado ao tempo que os professores dispunham para responder o roteiro, já que esse constava somente de questões abertas e, por isso, a associação com somente reprodução humana poderia ser mais perceptível. Sobre o tempo de resposta, a maioria dos professores desta

pesquisa utilizou os horários pedagógicos, dentro das escolas em que lecionam, para a contribuição com esta pesquisa. Outro motivo para esse resultado pode estar relacionado com a prática do docente e o pouco uso de metáforas.

Sobre as diferentes respostas e as imagens mentais que cada participante possui cita-se o trecho de Ferraz & Terrazzan (2003, p. 221):

Não se pode perceber quais são as imagens mentais e esquemas intuitivos que são disparados pelo primeiro contato com o alvo e sendo assim, não se pode afirmar até que ponto o aluno construiu corretamente ou não o conceito-alvo a partir do análogo fornecido pelo professor.

Destaca-se ainda que 5, dos 17 professores, citaram o termo “informação genética” nesta alternativa. Sobre esse termo, Pitombo, Almeida & El-Hani (2007) e Goldbach & El-Hani (2008) esclarecem que “informação genética” é uma metáfora, de conceito não claro na estrutura da Biologia e enfatizam a necessidade de uma teoria da informação biológica que possam conferir-lhe significado preciso. Como não há um significado claro para o conceito de “informação genética”, diferentes interpretações podem surgir e o problema neste caso é que essa interpretação fica a cargo do estudante.

Nas alternativas “b” e “c”, ainda da atividade 2, foi solicitado que os participantes indicassem, a partir da definição dos conceitos de genótipo e fenótipo, como esses conceitos estavam representados na figura respectivamente. Esses conceitos foram reconhecidos por todos os participantes como sendo o genótipo “as páginas do livro combinadas” ou “o livro” e, no caso do fenótipo, com as características do filho representado na ilustração. Dentre as características, os participantes citaram algumas como “ausência de furo no queixo”, “ausência de sardas”, “sobrancelhas finas” “sobrancelhas separadas”, “cabelo liso”, “pele clara” e “baixo”.

Destaca-se a importância das alternativas “b” e “c” principalmente para aqueles que na alternativa “a” haviam compreendido somente como reprodução humana / fecundação e ainda não haviam percebido e/ou descrito a relação desses processos ao “livro” representado na Figura 6.

### **Atividade 3**

A atividade 3 continha a representação de um cariótipo com a descrição do seguinte conceito: “Fotomicrografia de cromossomos de uma célula de um indivíduo, recortada e

organizada de maneira característica, visando ao diagnóstico de anomalias relacionadas ao número ou à morfologia de cromossomos.”

Nessa atividade, os participantes foram questionados se percebiam alguma relação entre o cariótipo e “os dois livros carregados pelo filho” na ilustração da atividade anterior (Figura 6). No caso de perceberem, a atividade solicitava que a descrevessem.

Todos os participantes citaram alguma correspondência e a maioria, 11 professores, associou os livros à origem dos cromossomos, materna e paterna conforme dados no quadro 13:

Quadro 13– Associação pelos professores entre a imagem de um indivíduo carregando dois livros e a representação do cariótipo.

<b>Associação com conteúdos</b>	<b>Participantes</b>	<b>Exemplos de respostas dos participantes</b>
Par de cromossomos, cada um vindo de dois progenitores.	PRQ.1, PRQ.2, PRQ.3, PRQ.5, PRQ.6, PRQ.7, PRQ.8, PRQ.9, PRQ.11, PRQ.13, PRQ.15	“Sim. O filho carregar dois livros significa que ele apresenta cromossomos oriundos de ambos gametas”. (PRQ.9)
Associação de página do livro com cromossomos	PRQ.4, PRQ.16	“Cada página seria um cromossomo contendo algumas informações (gene)” (PRQ.16)
Associação com a carga genética	PRQ.10, PRQ.14, PRQ.17	“Cada livro é metade do genótipo de uma pessoa. Na gravura dos cromossomos acima já ocorreu a fecundação.” (PRQ.17)

Fonte: Dados desta pesquisa (2017)

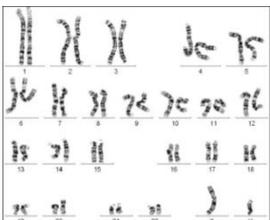
A possibilidade de um erro conceitual na atividade foi percebida após análise de todos os roteiros e questionários. O equívoco da atividade é que o cariótipo e o cariograma são tratados como sinônimos, contudo entende-se que o cariograma é uma representação parcial do cariótipo, um modelo. O cariótipo conceitua-se como um conjunto de cromossomos de uma célula, enquanto o cariograma como uma representação de cromossomos da célula de um indivíduo. O cariograma é utilizado principalmente na detecção de anomalias relacionadas ao número e à morfologia dos cromossomos. Restringir o cariótipo a uma representação pode levar a associações equivocadas e/ou limitadas do cariótipo. As consequências inferidas desse equívoco estão descritas na análise do resultado do quadro de semelhanças e diferenças e do questionário. Esse equívoco não foi encontrado na análise das respostas dos participantes do teste piloto bem como nos dois processos de validação.

#### Atividade 4

A atividade 4 apresenta um quadro proposto pela MECA e denominado por Marcelos & Nagem (2010) de “Estrutura Comparativa de Semelhanças e Diferenças entre o Alvo e o Veículo”. Nesse quadro, os participantes evidenciaram semelhanças e diferenças da comparação entre modelo *Haploid-book* e o cariótipo. Para análise das respostas, separaram-se as descrições em dois quadros: o primeiro, Quadro 14, apresenta as semelhanças descritas, e o segundo, Quadro 15, contém as diferenças.

Descreveram-se abaixo no Quadro 14, portanto, as semelhanças entre os dois domínios e em sua terceira coluna, quais foram os professores que citaram as respectivas correspondências:

Quadro 14– Semelhanças entre o Modelo *Haploid-book* e o cariótipo citadas pelos professores.

SEMELHANÇAS			
	<i>Haploid-Book</i>	Cariótipo	Professores
			
1	Nº de páginas	Nº de Cromossomos	PRQ.1, PRQ.3, PRQ.4, PQR.7, <b>PRQ.10*</b> , PRQ.11, PRQ.12, PRQ.13, PRQ.14, PRQ.16.
2	Guarda características genéticas	Guarda características genéticas	PRQ.6, PRQ.14, PRQ.16, PRQ.17
3	Identifica o sexo	Identifica o sexo	PRQ.2, PRQ.4, PRQ.12
4	Páginas numeradas	Cromossomos numerados	PRQ.13, PRQ.9
5	Características descritas em livro	Genes no cariótipo	PRQ.2, PRQ.17
6	Indica possíveis alterações numéricas	Indica possíveis alterações numéricas	PRQ.2
7	Descreve característica fenotípica	O código expressa o fenótipo.	PRQ.8

8	Identificação de característica do cromossomo sexual (ex. 23)	Identificação de característica do cromossomo sexual (ex. 23)	PRQ.9
9	Pares de livros	Pares de cromossomos	PRQ.15

Fonte: Dados desta pesquisa (2017)

\*PRQ.10 foi inserido na linha 1 após análise e considerando a intenção do professor ao estabelecer a correspondência, apesar do equívoco ao denominar o “cromossomo” como “gene”.

Foram encontradas 9 semelhanças no total. Dessas, a primeira comparação evidenciou a relação entre as páginas e os cromossomos e foi a mais identificada pelos participantes, à semelhança das relações percebidas pelo grupo de estudantes e na validação. Ainda sobre a característica descrita na linha 1 do Quadro 14, destaca-se que inseriu-se o professor PRQ.10 como um dos que associou página a cromossomos porque inferiu-se que esta foi a intenção desse professor na descrição da semelhança, apesar de perceber que esse professor equivocou-se ao escrever gene ao invés de cromossomo. A frase escrita pelo professor, na coluna referente ao *Haploid-book*, foi “cada página representa um gene do par” e que no cariótipo o “gene é desenhado” (PRQ.10).

Além da correspondência entre página e cromossomo, mais 4 associações foram observadas por mais de um participante e outras 4 foram descritas, cada uma por um participante diferente.

Segundo Nagem, Carvalhães & Dias (2001), na exploração da analogia pelo professor em sala faz-se necessário reforçar as semelhanças, que devem ser em número maior que o número de diferenças encontradas. Esse procedimento tem como objetivo não fugir ao propósito da analogia que deve evidenciar as semelhanças, alertando para o fato de que é mais difícil acessá-las do que as diferenças. Além disso, chama-se a atenção para o fato de que, se o professor reforçar muito as diferenças, a analogia pode perder o seu sentido. Cabe ressaltar que as diferenças relevantes também devem ser explicitadas, para que não ocorram transferências de características indesejáveis do veículo para o alvo em atividade.

Neste estudo, a quantidade de semelhanças e diferenças citadas pelos professores foram próximas, com uma diferença a mais. O Quadro 15 contém as diferenças identificadas pelos professores.

Quadro 15– Diferenças entre o Modelo *Haploid-book* e o cariótipo citadas pelos professores.

<b>DIFERENÇAS</b>			
	<b><i>Haploid-Book</i></b>	<b>Cariótipo</b>	<b>Professores</b>
			
1	Tem descrição do fenótipo	Não tem descrição do fenótipo	PRQ.3, PRQ.9, PRQ.13, PRQ.14
2	Não possibilita visualização dos cromossomos	Possibilita visualização dos cromossomos.	PRQ.2, PRQ.9, PRQ.14
3	Aparência de livro	Aparência de cromossomos condensados	PRQ.12, PRQ. 13, PRQ.15
4	No <i>haploid-book</i> tenho de associar um livro com outro	No cariótipo os cromossomos estão associados aos pares	PRQ.14, PRQ.16, PRQ.17
5	Não apresenta anomalias (alterações estruturais ou numéricas)	Pode apresentar anomalias	PRQ.3, PRQ.12
6	As características estão descritas	As características estão codificadas.	PRQ.1, PRQ.10
7	Não possui todas as características.	Possui todas as características	PRQ.4
8	Os genes não estão nas respectivas páginas	Cada gene possui localização nos cromossomos	PRQ.4
9	As páginas tem o mesmo tamanho	Os cromossomos tem tamanhos diferentes.	PRQ.12
10	Várias páginas	Uma figura	PRQ.15

Fonte: Dados desta pesquisa (2017)

Ao todo foram identificadas 10 diferenças, das quais a mais citada foi a linha 1 do Quadro 15, que se refere à possibilidade de ter a descrição do fenótipo no *Haploid-book* e não

ter no cariótipo. A diferença relacionada à aparência do *Haploid-book* como um livro também foi descrita por 3 participantes e está localizada na linha 3 do Quadro 15. O participante PRQ.5 não informou semelhanças e nem diferenças no quadro. Acredita-se que isto pode ter ocorrido por dificuldade na elaboração do quadro ou por escolha própria de não informar.

Devido à possibilidade de encontrar novas correspondências relacionadas ao *Haploid-book*, ressalta-se que o número de semelhanças e de diferenças aqui proposto não se constitui na totalidade de comparações possíveis de serem feitas.

Da análise desse Quadro, percebeu-se que os 16 professores, que responderam, ficaram contidos principalmente à aparência dos livros e dos cromossomos, na descrição de correspondências relacionadas à semelhança e à diferença entre o *Haploid-book* e a representação do cariótipo (figura do cariograma nos Quadros 14 e 15). Acredita-se que parte desse resultado deve-se ao conceito de cariótipo que foi citado na análise da atividade anterior, atividade 3. Sugere-se em próximo estudo com o quadro de semelhanças e diferenças que ao invés de cariótipo seja utilizada a palavra “genoma”.

Destaca-se, a atividade do quadro de semelhanças e diferenças que esse quadro permitiu entender como os participantes desta pesquisa percebem a comparação, quais semelhanças e diferenças mais se destacam e as menos aparentes. Além disso, o quadro possibilitou a identificação de correspondências possíveis entre os domínios ainda não exploradas e, também, a identificação de associações equivocadas.

Segundo Marcelos & Ferry (2013), o quadro de semelhanças e diferenças da MECA encoraja a reflexão e permite que o raciocínio analógico se desenvolva ao se estabelecer as correspondências entre as entidades comparadas. Para Nagem et al. (2011), o mecanismo de levantamento de características através das duas vias veículo/alvo potencializa o mapeamento das semelhanças bem como das diferenças entre as estruturas comparadas, permitindo uma melhor discussão das relações analógicas e, provavelmente, evitando transposições equivocadas.

## **Atividade 5**

A atividade 5 do roteiro de atividades, referente à etapa de reflexão, apresenta questionamentos para serem discutidos, como por exemplo “será que uma pessoa que possui genes ativos para o armazenamento excessivo de gordura desenvolverá a obesidade?”. Os professores destacaram como fatores ambientais podem influenciar o fenótipo. Nesse caso, os

participantes citaram que fatores como dieta e exercício influenciam no resultado desse fenótipo.

Essa atividade expõe, na forma de questionamentos, um dos limites do modelo analógico *Haploid-book*, que é a determinação genética e a não consideração de outros fatores na determinação de características. Segundo Marcelos & Ferry (2013), na etapa de reflexões da MECA são listados limites e validades da analogia e verificando onde pode vir a falhar a analogia. A percepção desses limites incentiva uma atitude crítica e reflexiva do público alvo, auxiliando-o a não permanecer fixado no veículo (representante), considerando-o como se fosse o alvo.

Sobre a importância da discussão em sala de aula da analogia utilizada no ensino, Raviolo et al. (2011) acrescentam que a apresentação de forma passiva, sem que se discuta sua finalidade, natureza, pontos fortes e limitações, pode levar à geração de entendimentos inadequados como: (1) a analogia em si é tomada como um objeto de estudo, (2) a atribuição incorreta das semelhanças do analógico para o alvo, (3) mantendo a mera superfície ou os aspectos cênicos e (4) não atingindo a abstração das correspondências entre os domínios.

### **Atividade 6**

A atividade 6 solicitava que os professores descrevessem outros modelos ou recursos que podem ser utilizados para o ensino do cariótipo. Marcelos & Ferry (2013) consideram que essa etapa da MECA estimula o raciocínio analógico e que pode ser utilizada como forma de avaliação.

Nesta atividade foram mencionados vários recursos pelos professores como pode ser observado no Quadro 16, na segunda coluna.

Quadro 16– Outros modelos para o ensino de cariótipo descritos pelos participantes.

<b>Professor</b>	<b>Modelo</b>	<b>Categorização</b>
PRQ.1	_____	_____
PRQ.2	Modelos didáticos de resina ou plástico.	<u>Forma</u> das estruturas relacionadas à genética (não especificou).
PRQ.3	- Modelos de células; - Peças tipo dominó.	- <u>Forma</u> de células - <u>Relação analógica</u> entre dominós e códons (DNA e RNA).
PRQ.4	_____	_____
PRQ.5	_____	_____
PRQ.6	_____	_____
PRQ.7	Conjunto de pares de cartas de um baralho completo	<u>Relação analógica</u> entre cartas e cromossomos homólogos
PRQ.8	Massinha para conceito de DNA	<u>Forma</u> do DNA
PRQ.9	Peças “lego” para formação de pares cromossômicos em um cariótipo	<u>Forma</u> dos pares de cromossomos do cariótipo.
PRQ.10	Colares com missangas, tampinhas canudinhos	<u>Forma</u> das estruturas relacionadas à genética (não especificou).
PRQ.11	_____	_____
PRQ.12	Massa de modelar	<u>Forma</u> das estruturas relacionadas à genética (não especificou).
PRQ.13	_____	_____
PRQ.14	_____	_____
PRQ.15	_____	_____
PRQ.16	Utilizando moedas, onde cara e coroa seriam alelos.	<u>Relação analógica</u> entre moedas e simulação de cruzamentos
PRQ.17	Modelos tridimensionais capazes de montar os cromossomos	<u>Forma</u> dos cromossomos.

Fonte: Dados desta pesquisa (2017)

De um total de 17 professores, oito não citaram nenhum outro recurso que poderia ser utilizado no ensino de Genética. Sobre esse número de professores que não citaram nenhuma atividade, recurso ou modelo ou analogia, pode-se inferir como um dos motivos o fato de existir a possibilidade de alguns deles não ser “acostumados” a utilizar modelos em sala de aula e por isso, a dificuldade em descrever uma proposta nesta atividade; ou falta de interesse em descrever algum modelo ou mesmo dificuldade em encontrar algum modelo que trabalhe com os mesmos conceitos que o *Haploid-book* abrange.

Sobre essa possível dificuldade em apresentar nova analogia, Nagem, Carvalhães & Dias (2001) descrevem que algumas pessoas necessitam de um tempo maior para completar este processo e que, no caso de estudantes, cabe ao educador interferir de modo a possibilitar que os aprendizes executem a tarefa por meio de atividades extraclasse.

Ao analisar os recursos citados por 9 professores, percebeu-se que a maioria das respostas sobre recursos didáticos está relacionada à representação do cariótipo por aparência/forma conforme terceira coluna do Quadro 16.

Dos 17 professores, 3 (PRQ.2, PRQ.10 e PRQ.12) relataram exemplos materiais que poderiam usar em sala de aula sem especificar de que modo esses materiais seriam aplicados.

A avaliação que se fez dos professores foi que o recurso para o ensino do cariótipo foi mais como uma forma de representação, como a do cariógrama, da cadeia de fita dupla.

Para Nagem, Carvalhães & Dias (2001), essa etapa, definida como “avaliação”, segundo a MECA, oferece a possibilidade de que seja proposto pelo participante um veículo mais familiar às suas experiências e que sejam levantadas novas similaridades e diferenças, explicitando desta forma a compreensão acerca objeto em estudo.

## **5.2.2 Questionário**

### **a) Validação do questionário**

A validação do questionário ocorreu em dois momentos e cada um por dois professores como descrito no capítulo da metodologia.

A parte do questionário dedicada a compreender os conceitos de gene que podem ser identificados no modelo *Haploid-book* não sofreu alterações em nenhuma das duas validações. Os quatro validadores responderam as questões e não manifestaram dificuldade de compreensão quanto às duas perguntas relacionadas ao tema, bem como também não

colocaram nenhuma observação com sugestão de alteração. Os quatro validadores consideraram que o modelo *Haploid-book* apresenta três conceitos: mendeliano, gene-P e informacional. O modelo que sobressaiu variou entre mendeliano e gene-P, que são modelos historicamente relacionados. Tendo em vista o estudo da literatura sobre a variabilidade de conceitos do termo gene, essas respostas eram esperadas na pesquisa.

Em seguida às questões sobre o conceito de gene, foram indicadas várias correspondências entre o modelo *Haploid-book* e o cariótipo para que os professores marcassem em escala Likert a concordância / discordância. Estas correspondências passaram por alterações na primeira validação que se descreve abaixo:

- Alteração do termo “cromossomos” para “moléculas de DNA” em algumas correspondências. O validador considera que o termo “cromossomo” deve ser utilizado somente para células em divisão por referir-se à espiralização do DNA e por isto considera inadequado o termo cromossomos para gametas.
- Separação de alternativa em duas quando descreviam na mesma frase mais de uma correspondência, como foi o caso da produção de uma alternativa para alelos dominantes e outra para recessivos, que antes da validação estavam em mesma alternativa.
- Retirada de termos considerados redundantes como a expressão “fenótipos biológicos”, que passou a somente fenótipos.

Após a primeira validação, foram incluídas também questões que abrangiam os conteúdos de Genética que podem ser trabalhados pelo *Haploid-book* e se, desse modelo didático, poderiam ser inferidos conceitos inadequados.

A segunda validação indicou que todas as questões estavam compreensíveis e não houve sugestões de alterações.

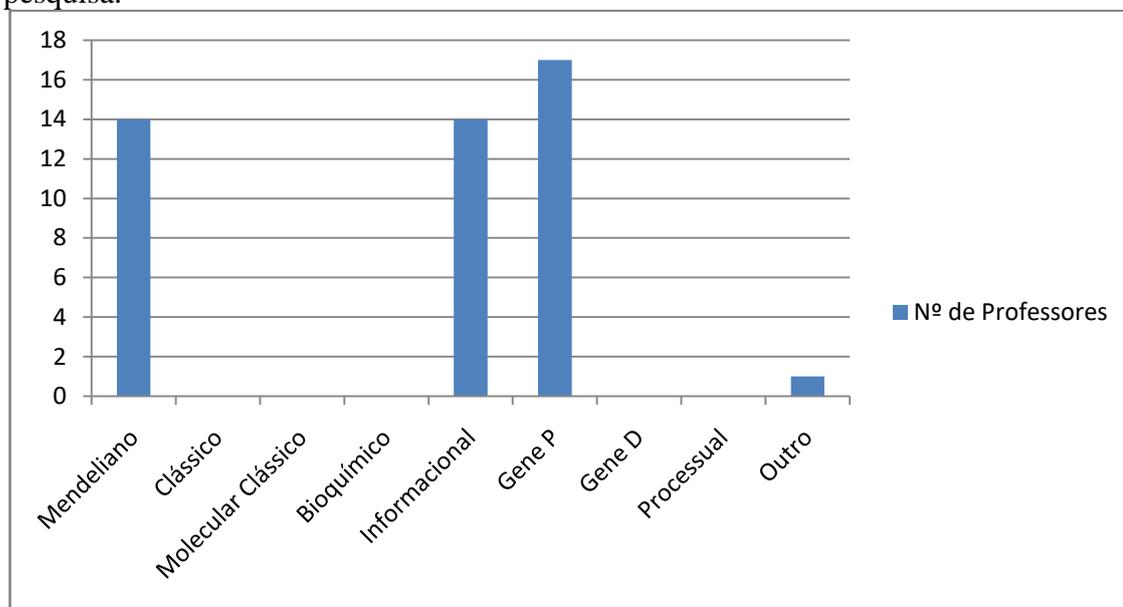
## **b) Análise do questionário**

A análise do questionário foi dividida em três partes principais. Na primeira, foram identificados os conceitos de genes envolvidos no *Haploid-book* a fim de investigar as características presentes em cada conceito, suas limitações e se existem ambiguidades quanto aos conceitos inferidos e o contexto de aplicação do modelo. Na segunda, realizaram-se análises sobre o que os professores pensam de cada correspondência elaborada entre o modelo

didático e o cariótipo humano. Na terceira parte, examinaram-se as potencialidades e limitações levantadas pelos professores.

Na questão 1 do questionário foram apresentadas as diferentes concepções conceituais de genes descritas por Gericke & Hagberg (2007); Santos, Joaquim, El-Hani (2012); El-Hani (2014) para que os participantes pudessem identificar quais estão presentes no *Haploid-book* e no roteiro de atividades. Além disso, houve no espaço “outro” a possibilidade de descrição de um conceito novo sobre gene que pudesse ser inferido a partir do *Haploid-book* por um dos participantes. O resultado da primeira questão, com todas as opções marcadas pelos professores, foi disposto no Gráfico 5.

Gráfico 5 – Conceitos de genes relacionados ao modelo *Haploid-book*, segundo participantes da pesquisa.



Fonte: Dados desta pesquisa (2017)

Os conceitos de genes identificados foram o conceito mendeliano, informacional, gene-P, e “outro” (conceito descrito por um participante). Dentre esses, o conceito que foi mais assinalado e, portanto, percebido pelos participantes foi o conceito de gene-P, marcado pelos 17 professores participantes.

O gene-P, que é entendido como um mapeamento simples entre genótipo e fenótipo, não acompanha correspondência com a realidade (MOSS, 2001). Analisando este conceito, percebe-se que, de fato, existem dificuldades em colocar no *Haploid-book* um caráter realista.

Como exemplo dessa dificuldade, pode-se citar o conceito de *locus* gênico, ou seja, da posição que o gene ocupa no cromossomo. Este conceito foi descrito pelos participantes do

roteiro de atividades e do questionário como não abrangentes do modelo. Para entender essa dificuldade em trabalhar o *locus* gênico no *Haploid-book* discutir-se-á aqui, como exemplo, a característica “calvície”, que é influenciada por vários genes, que foram sequenciados nos cromossomos seguintes até o momento: 3, 8, 16, 18, 20 e o X (OMIN, 2017). Será que distribuir essa característica em todos os cromossomos citados auxiliaria o ensino de conceitos básicos de Genética ou dificultaria atingir os objetivos propostos pelo material didático? Entende-se que neste caso a simplificação e determinação genética no ensino básico, neste contexto, parecem mais auxiliar o processo de ensino e, possivelmente, os de aprendizagem, segundo os propósitos do modelo, que são de prever possíveis fenótipos a partir de um cruzamento, e não fazer um mapeamento de todos os genes de acordo com o cromossomo (páginas de um livro). É importante lembrar ainda que, além dos fatores genéticos, a calvície também está associada a fatores ambientais como hormonais.

O exemplo citado acima reforça a divisão evidenciada por Moss (2003) em que o conceito de gene-P é instrumental, diferentemente do conceito de gene-D que se aproxima da realidade. El-Hani (2014) argumenta sobre a utilidade do conceito de gene-P ao prever resultados de um cruzamento e análise de heredogramas, o que ele denomina de uma simplificação apropriada em certos contextos e que, em certos casos, não haveria problema em falar “um gene para uma característica”.

Para Moss (2001), é ambígua a explicação de um conceito de gene-P associada ao conceito de gene-D por serem distintos e pertencerem a diferentes domínios de aplicação. No caso do *Haploid-book* e seu roteiro, nenhum participante citou a percepção do conceito de gene-D e de gene molecular clássico. Esse resultado era esperado porque o *Haploid-book* não apresenta o gene enquanto partícula/molécula, o seu objetivo é a de uma previsão de fenótipo a partir do genótipo, o que se acredita estar mais próximo do conceito de gene-P, como citado pelos participantes. O que não impede que o professor possa de forma complementar, discutir com os estudantes a participação do meio ambiente e de outros fatores para expressão do fenótipo.

Desta forma, como o *Haploid-book* apresenta o gene de forma instrumental, é necessário que, no contexto de aplicação do modelo didático, seja evidenciado pelo professor que esse conceito apresenta uma relação genótipo-fenótipo simplificada, que pode ser aceita somente nesse domínio de aplicação. Isso se faz necessário para que esta propriedade de ser um determinante de fenótipos não seja transferida em outros momentos de ensino para outros modelos, como por exemplo, o conceito molecular clássico.

Além do conceito de gene-P, os conceitos mais identificados pelos participantes foram o conceito mendeliano e o conceito informacional. Esses dois conceitos continham, cada um, 14 marcações de diferentes participantes.

O conceito informacional provavelmente foi identificado pelo fato de o *Haploid-book* ter formato de um livro, e isto poderia influenciar a possível associação de livros como detentores de informação. Além disso, acredita-se que este conceito pode ter sido percebido a partir da atividade 2 do roteiro que apresenta a ilustração de uma metáfora na qual os gametas e a criança “carregam” livros, e, como descrito na análise do roteiro, 5 professores associaram esses livros à metáfora “informação genética”.

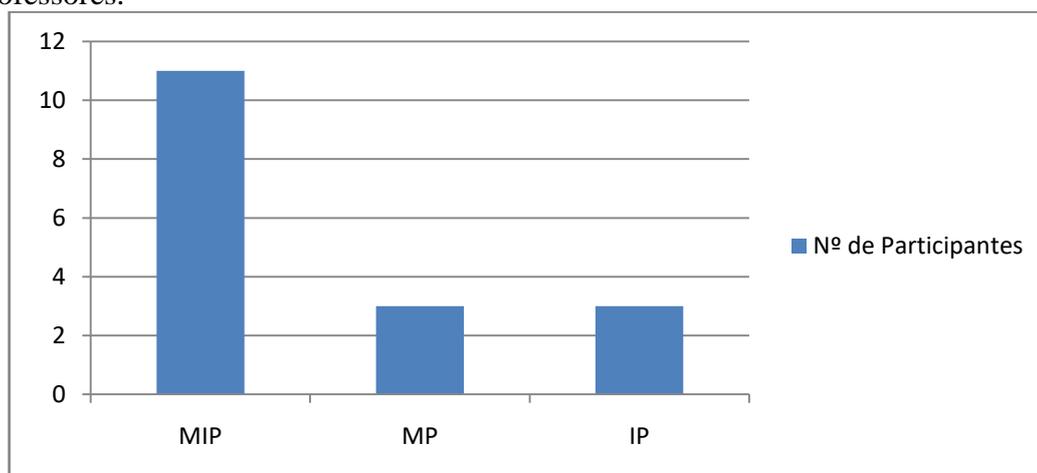
El-Hani (2014) destaca a relação entre a concepção informacional com ideias ambíguas sobre o DNA. O DNA torna-se uma espécie de reservatório que possui toda a “informação” de uma célula e com isso, favorece visões hiperbólicas sobre o papel do DNA, já que esta “informação” pode estar em outras moléculas da célula como no RNA ou em proteínas. Além disso, a atenção neste caso também está em tratar o DNA não como um “controlador” do metabolismo celular, mas como uma base de dados ou um sistema de memória celular.

Além dos conceitos descritos na questão 1, um dos participantes, o professor PRQ.17, citou um outro conceito de gene que poderia ser identificado no modelo didático: “os genes são partículas nos cromossomos, que determinam as nossas características, recebidos um do nosso pai e outro da nossa mãe para a mesma característica”. A análise que fizemos desse conceito foi que está mais próximo ao conceito mendeliano, com a informação adicional da localização do gene no cromossomo. O conceito mendeliano, que é um conceito histórico, traz a ideia do gene como unidade de transmissão, e é uma boa ferramenta para expressar regularidades em cruzamentos (EVANGELISTA, 2016).

Ao analisar os conceitos assinalados por cada professor, observou-se que a forma de marcação das alternativas pode ser categorizada em 3 grupos específicos conforme descrição abaixo e apresentação no Gráfico 6. Esses grupos foram denominados MIP, MP e IP:

- MIP- Gene Mendeliano, Informacional e Gene P
- MP - Gene Mendeliano e Gene P
- IP - Gene Informacional e Gene P

Gráfico 6– Grupos de conceitos de genes identificados no modelo *Haploid-book* por professores.



Fonte: Dados desta pesquisa (2017)

O grupo de conceitos mais identificados foi o que se denominou de MIP (Mendeliano, Informacional e Gene P), com 11 participantes. Os outros dois grupos observados, com mesmo número de participantes, foram o MP (Mendeliano e Gene P) e o IP (Informacional e Gene P), todos os dois com 3 professores.

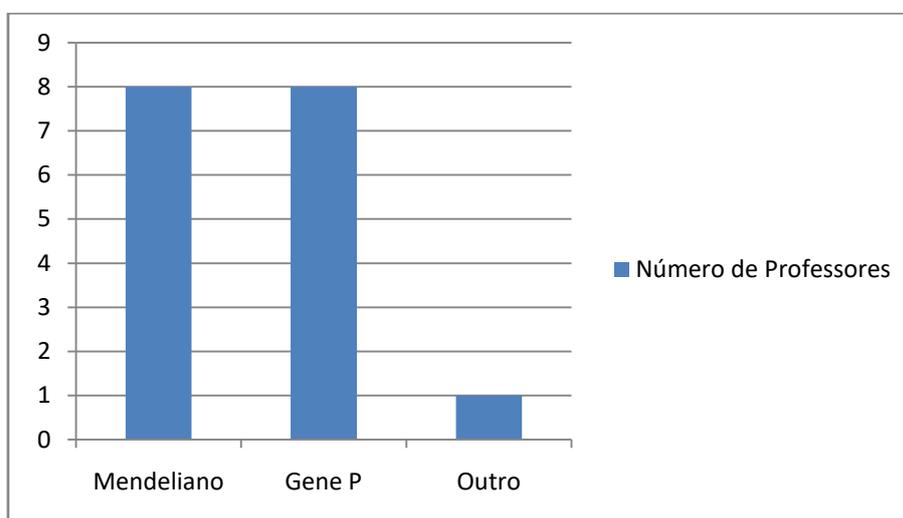
Segundo El-Hani (2014), o conceito informacional é frequentemente associado ao conceito molecular clássico tanto em livros didáticos de Biologia do ensino superior quanto do médio, e por isso essa associação resultou na categorização de um modelo molecular-informacional. Contudo, nenhum dos professores pesquisados percebeu a presença do conceito molecular-clássico no *Haploid-book* e, em contrapartida, 14 professores identificaram o conceito informacional conforme dados presentes no Gráfico 5. Neste estudo, o conceito informacional foi percebido associado ao conceito de gene mendeliano e /ou conceito de gene-P (grupos MIP e IP do Gráfico 6).

Destaca-se também que é característica dos três conceitos de genes inferidos, o mendeliano, o informacional e o gene-P esta visão determinista (EL-HANI, 2014). Além desses três conceitos, o conceito clássico também possui essa característica, mas essa opção não foi marcada por nenhum professor. Alguns participantes descreveram que não marcaram a alternativa “b” (clássico) devido à característica deste conceito de o gene ser uma “partícula indivisível” e que isso não foi evidenciado no *Haploid-book*.

Desta forma, o modelo *Haploid-book* é limitado a um determinado aspecto da Genética, o que reforça a necessidade de que a realidade do não determinismo deva ser apresentada pelo professor sempre que abordar o tema a partir de reflexões críticas.

Diante da possibilidade de encontrar diferentes respostas na questão 1 (conceitos que poderiam ser inferidos), a questão 2 do questionário indagou os participantes qual o conceito de gene eles consideram que sobressaiu no modelo *Haploid-book*. Obteve-se um empate de 8 professores que consideram o gene Mendeliano e 8 que consideram o gene-P. Além desses, também houve um participante que considerou o conceito que ele descreveu, “outro”, foi o que sobressaiu. Nesta análise, conforme descrição anterior, considerou-se que a definição “outro” desse participante assemelha-se à junção de gene Mendeliano com a informação de que este gene está localizado no cromossomo, próximo a alternativa do gene clássico. O resultado dessa questão está descrito abaixo, no Gráfico 7.

Gráfico 7– Conceito de gene que sobressaiu no *Haploid-book*, segundo professores.



Fonte: Dados desta pesquisa (2017)

Sobre os dois conceitos de genes diferentes (gene Mendeliano e gene-P) que sobressaíram, é interessante observar que eles, no estudo de Patiño (2017), estão categorizados como pertencentes ao mesmo modelo de função gênica: o Modelo Mendeliano. São características deste Modelo Mendeliano e, portanto, comuns aos dois conceitos o foco na transmissão genética e o gene ser considerado condição necessária e suficiente para a manifestação da característica, não levando qualquer consideração por outro fator como, por exemplo, o ambiental (PATIÑO, 2017).

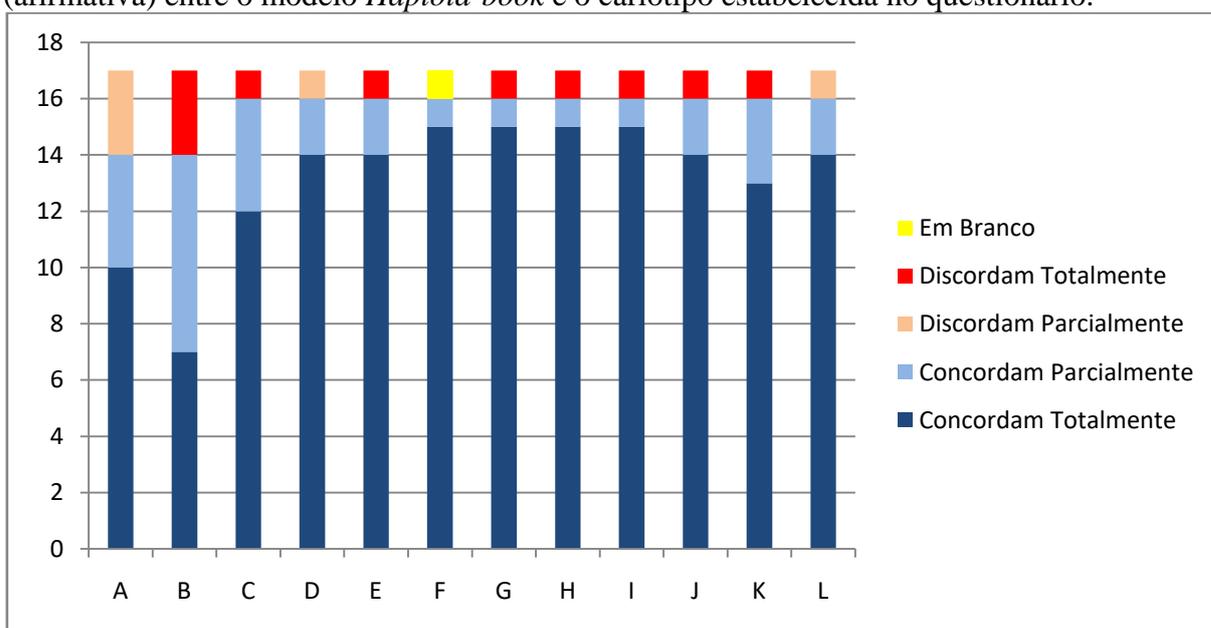
A análise do conceito de gene evidenciou a forte característica do *Haploid-book* de determinação genética. Acredita-se, por isso, que no uso do modelo didático seja importante estabelecer estratégias que discutam essa propriedade a fim de que os estudantes não assimilem conceitos inadequados sobre o gene. Um limite não é algo negativo em um modelo,

desde que seja apresentado pelo professor, discutido em sala e compreendido pelos estudantes. Neste caso, acredita-se que o professor possa reforçar a não determinação genética pelos genes ao trabalhar com o limite do modelo, explorá-lo em sala de aula e delimitar com os estudantes os diferentes modelos de genes, ao longo do período de estudos, que estão em seu modelo curricular. O não trabalho desse limite em sala poderia reforçar a internalização da determinação genética pelos estudantes.

A seguir, são apresentados resultados dos relatos dos professores sobre correspondências entre o *Haploid-book* e o cariótipo humano, que foram apresentadas na resposta da questão 3 do questionário. Nessa questão foram descritas afirmativas que relacionam o *Haploid-book* ao cariótipo e os professores indicaram os valores de 4 a 1 considerando o que pensam em relação às correspondências. Além disto, abaixo de cada afirmativa havia um espaço para que os participantes pudessem comentar.

O Gráfico 8 expõe um resultado geral sobre as concordâncias e discordâncias dos professores em cada afirmativa. A coloração em azul apresenta as concordâncias, sendo a azul escura a concordância total e a clara a concordância parcial. E em cores avermelhadas a discordância, na qual a cor vermelho claro representa a discordância parcial e a cor vermelho escuro representa a discordância total. Além desses, em amarelo está uma afirmativa que não foi assinalada por um professor.

Gráfico 8— Quantidade de participantes que concordaram totalmente, concordaram parcialmente, discordaram parcialmente, discordaram totalmente, em cada correspondência (afirmativa) entre o modelo *Haploid-book* e o cariótipo estabelecida no questionário.



Fonte: Dados desta pesquisa (2017)

O gráfico acima, de forma geral, contém um predomínio de cor azul (tanto clara quanto escura), o que demonstra que a maioria dos participantes concordaram totalmente ou parcialmente com as afirmativas. Desses, houve uma predominância para a concordância total (coloração em azul escuro) do que a concordância parcial (cor azul claro).

Ao analisar cada barra desse gráfico percebeu-se que em todas houve um índice maior de concordância do que discordância, com exceção da alternativa “B”, em que ocorreu um empate entre a concordância total e a parcial. A alternativa “B” também foi a que apresentou um maior nível de discordância.

Em nenhuma alternativa dessa questão houve somente respostas de concordância total. Percebeu-se que em todas as afirmativas ocorreram pelo menos 2 respostas diferentes na escala de concordância.

Cada uma das afirmativas é discutida nos tópicos abaixo:

A) Os *haploid-books* (materno e paterno) apresentam informações escritas, já o **cariótipo humano** apresenta informações genéticas.

Nessa afirmativa, houve 10 concordâncias totais, 4 concordâncias parciais e 3 discordâncias parciais.

A concordância total foi assinalada por 10 professores. Destes um professor, PRQ.17, fez a observação abaixo:

“As informações escritas são consideradas mais como fenótipos.” (PRQ.17)

A concordância parcial foi assinalada por 4 professores. Destes, 3 fizeram comentários que justificaram a escolha. Observou-se que dois argumentos foram utilizados pelos professores, um quanto ao *Haploid-book* ter informações escritas (PRQ.12) e dois quanto ao cariótipo ter informações genéticas (PRQ.5 e PRQ.15).

O *Haploid-book* apresenta informações genéticas e o cariótipo também, como por exemplo as anomalias do cariótipo. (PRQ.12)

O cariótipo mostra o desenho dos 23 pares de cromossomos humanos. (PRQ.5)

O cariótipo demonstra quantidade de cromossomos. (PRQ.15)

A discordância parcial nesta questão foi justificada também com os dois mesmos argumentos da concordância parcial

No primeiro argumento, 2 professores discordaram parcialmente e comentaram que o *Haploid-book* possui informações genéticas, em forma escrita, e que a inadequação neste caso seria a não colocação de informações genéticas para o *Haploid-book*, conforme resposta abaixo:

Os dois materiais apresentam informações genéticas apresentadas de maneira diferente. (PRQ.2)

Ambos apresentam informações genéticas. (PRQ.3)

No segundo argumento, 1 professor discordou parcialmente da afirmativa de que sobre o cariótipo contém informações genéticas:

O cariótipo apresenta apenas o formato biológico dos cromossomos homólogos. (PRQ.9)

O relato dos professores PRQ.5, PRQ.9 e PRQ.15 leva a inferir que eles entendem que a visualização dos cromossomos em um cariógrama, tanto em formato quanto em número, não significa que o cariótipo possui “informação genética”. Para discutir isso, seria preciso entender o conceito do termo “informação genética”. Contudo, conforme descrito por Gooldback & El-Hani (2008), não existe uma teoria da informação biológica, o que torna possível o tratamento deste termo “informação genética” apenas como metáfora, portanto de relações implícitas.

**B) Um *haploid-book* é constituído por 23 páginas, assim como um gameta humano é constituído por 23 moléculas de DNA.**

Essa foi a afirmativa que apresentou maior número de discordâncias totais. Ao todo foram 7 concordâncias totais, 7 concordâncias parciais e 3 discordâncias totais.

Dentre os participantes que concordaram totalmente, somente 1 professor fez comentário nessa afirmativa. Esse comentário foi uma observação complementar do participante ao modelo *Haploid-book*, mas não foi direcionado às relações da frase descrita acima:

As informações são semelhantes. Às vezes só apresenta uma única característica na página. (PRQ.10)

A concordância parcial foi justificada pelos professores devido à denominação “moléculas de DNA”. Para eles, o mais pertinente seria a colocação da palavra “cromossomo”:

23 cromossomos. (PRQ.3)

Devido à dificuldade de compreensão da definição de “23 moléculas” no lugar de cromossomos, concordo parcialmente. (PRQ.8)

A expressão “moléculas de DNA” foi colocada durante o processo de validação do questionário porque o termo “cromossomo” refere-se a condensação do DNA e, segundo o validador, é pertinente quando associado à célula diploide, e não haploide, como neste caso. Sobre isso, o professor PRQ.15 sugeriu a mudança para o termo “23 estruturas de cromatina”.

A “discordância total” também foi atribuída ao termo “moléculas de DNA” conforme os comentários abaixo:

O gameta contém 23 cromossomos. (PRQ.1)

Não é constituído por apenas 23 moléculas de DNA. (PRQ.4)

Muito mais. (PRQ.11)

De posse dessas informações, na fase do mapeamento pretende-se seguir com o termo “cromossomo” na descrição das correspondências. Contudo destaca-se como importante a discussão e a diferenciação dos termos “DNA”, “cromatina” e “cromossomo” em sala de aula em momento oportuno, como por exemplo, quando são apresentados os ácidos nucleicos aos estudantes.

**C) A união de dois *haploid-books*, composto cada um por 23 páginas, apresenta um total de 46 páginas assim como a união de dois gametas, cada um composto por 23 moléculas de DNA apresenta um total de 46 moléculas de DNA (cromossomos).**

Nessa afirmativa, houve 12 concordâncias totais, 4 concordâncias parciais e 1 discordância total.

Dos 12 participantes que concordaram totalmente, 2 fizeram observações. O professor PRQ.5 enfatizou a colocação do que seriam “46 cromossomos”, e o segundo destacou a facilidade na compreensão da formação do indivíduo, provavelmente fazendo referência à atividade 1 do roteiro:

É bem tranquilo a compreensão da formação do indivíduo / são muitas características que não são expressas. (PRQ.10)

A concordância parcial foi descrita com os mesmos argumentos da alternativa anterior, destacando o termo “moléculas de DNA” para 3 professores:

O termo molécula de DNA talvez possa ser revisto. (PRQ.2)

Seriam 46 cromossomos e não moléculas de DNA. (PRQ.4)

Estruturas de cromatina. (PRQ.15)

O quarto professor que concordou parcialmente fez uma observação mais próxima da afirmativa da letra “F” que diz respeito a uma diferença alinhável sobre a quantidade de características por página ser diferente da quantidade de genes por cromossomos:

Porém cada molécula de DNA tem vários genes, e muitas páginas tinham somente uma característica. (PRQ.17)

Já o participante que discordou totalmente fez o seguinte relato:

Muito mais. (PRQ.11)

Novamente o professor PRQ.11 não deixou claro a discordância. Esse professor foi questionado sobre a observação “muito mais”, contudo não apresentou justificativa.

**D) As páginas de mesma numeração no *Haploid-book* paterno e no materno são correspondentes**, ou seja, a página 1 do *Haploid-book* paterno é correspondente a página 1 do *Haploid-book* materno, assim como **as moléculas de DNA** provenientes do **gameta feminino e do masculino** que determinam as mesmas características **são homólogos**.

Nessa afirmativa, 14 professores concordaram totalmente, 2 concordaram parcialmente e 1 discordou parcialmente.

A concordância total foi assinalada por 14 participantes, contudo somente 4 fizeram observações. Estes comentários traziam observações principalmente à associação que os professores fizeram da relação gene/alelo:

Sempre nas aulas reforço a questão dos genes serem alelos. (PRQ.3)

Lembrando que os genes são alelos. (PRQ.16)

Dos dois professores que concordaram parcialmente, um não justificou (PRQ.11) e o segundo não concordou com o termo moléculas de DNA. Para este professor, o termo mais apropriado seria “genes”. O termo moléculas de DNA se referia aos 23 segmentos de DNA não condensados, que quando em processo de divisão são denominados cromossomos. Nesse

caso, a afirmativa fazia uma relação para a definição de cromossomos homólogos e não genes homólogos.

A discordância parcial foi por 1 professor que discordou que todas os pares de cromossomos sejam homólogos e pontuou o cromossomo sexual que pode ser homólogo parcialmente se for XY:

As moléculas de DNA no par 23 podem ou não serem homólogas (XX – totalmente / XY – parcialmente). (PRQ.9)

**E) As páginas dos *Haploid-books* (seja ele materno ou paterno) contem frases, já as moléculas de DNA dos gametas contem genes.**

Nessa afirmativa, houve 14 concordâncias totais, 2 concordâncias parciais e 1 discordância total.

Ao contrário das alternativas anteriores em que as justificativas para a concordância ou discordância eram parecidas, este não foi o caso. As observações trouxeram aspectos diferentes. Mesmo participantes que concordaram totalmente fizeram observação quanto à expressão “moléculas de DNA” conforme descrevemos abaixo:

Se considerar moléculas como cromossomos” (PRQ.4)

Na observação de outro participante, que concordou totalmente, percebeu-se que o termo “moléculas de DNA” no lugar de cromossomos pode levar a confusões: seriam moléculas de DNA que possuem genes ou como a participante colocou, genes que possuem moléculas de DNA? Nesse caso, com a mudança dos termos, a frase “cromossomos que possuem genes” ficaria muito mais clara. Esse raciocínio foi realizado por um dos participantes para descrever a dificuldade da expressão “moléculas de DNA” nas correspondências:

Os cromossomos contém genes. Os genes são formados por moléculas de DNA. (PRQ.12)

A concordância parcial por dois participantes apresentou duas observações diferentes. A primeira relacionada a dificuldade de compreensão desta alternativa:

Entendo mais por fenótipo (*Haploid-book*) e genótipo (cariótipo). (PRQ.3)

A segunda relacionada à avaliação do professor de que pode ocorrer dificuldade no entendimento dessa correspondência na falta de intervenção do professor:

Não é simples perceber o gene no cariótipo. É necessário a intervenção do professor para contextualizar as bases nitrogenadas. (PRQ.13)

Concorda-se com o fato de que, em todo processo de ensino com analogias e modelos, é necessária a intervenção do professor, contudo, neste caso, não se entendeu que seja pertinente a associação da comparação com bases nitrogenadas. A análise que se fez sobre os tipos de modelos de gene e qual conceito o *Haploid-book* contempla auxilia como justificativa deste posicionamento. Entende-se que o ensino de gene como bases nitrogenadas deve ser realizado com outro modelo didático que abranja esse contexto. O ensino de bases nitrogenadas estaria mais ligado ao conceito molecular-clássico. A associação de gene instrumental com uma visão realista pode gerar ambiguidades, como a transferência de propriedades do conceito de gene-P para o conceito molecular-clássico como citado anteriormente.

A discordância total foi justificada pelo participante PRQ.6 porque não concordou com a expressão “contém genes” e ao invés dessa ele sugeriu “contém cromossomos”. A sugestão da mudança provavelmente ocorreu por influência da expressão “moléculas de DNA”. Isso reforça a necessidade de não utilização dessa expressão durante a montagem das correspondências deste modelo didático.

**F) Como diferença alinhável, antevisto, as páginas de cada *Haploid-book* contém de 1 a 3 frases, já as moléculas de DNA de cada gameta contém inúmeros genes.**

Nessa afirmativa, obtiveram-se 15 concordâncias totais, 1 concordância parcial e 1 resultado em branco.

A afirmativa “F” foi, portanto, a única em que nenhum participante percebeu qualquer discordância, tanto discordância parcial como total. Apesar de não haver discordâncias, conforme exposto anteriormente, essa afirmativa contém um número de soma de 16 concordâncias (totais e parciais), em empate, neste caso, com outras afirmativas (C, E, F, G, H, I, J, K, L).

A letra “F” conforme escrito explicitamente na frase mostra uma diferença alinhável entre os *Haploid-books* e o cariótipo humano. Sobre isso a professora PRQ.3, que concordou totalmente, fez o seguinte relato:

Seria impossível contemplar todas as características (proteínas) instruídos pelos inúmeros genes. (PRQ.3)

O único professor que concordou parcialmente com a afirmativa fez o seguinte relato:

Como dito na questão anterior, é necessário a intervenção (mediação do professor). (PRQ.13)

Nesse caso, apesar de o professor ter concordado parcialmente, pela justificativa não foi percebido algum tipo de discordância com a afirmação, somente que a percepção dessa afirmação pelos estudantes se faz necessária com a intervenção do professor. Talvez o “concordo parcialmente” foi por ter percebido que os estudantes não chegariam a essa conclusão sozinhos. Se for neste sentido, de fato o roteiro de atividades não trabalha com essa diferença, mas o roteiro também não busca ser auto-suficiente. É importante a intervenção do professor em todas as etapas e acredita-se que essa diferença possa ser trabalhada no quadro de diferenças e semelhanças do roteiro.

**G) Nos *haploid-books* as descrições em **letras maiúsculas sobressaem** sobre as descrições em letras **minúsculas**, semelhantemente, **os alelos dominantes sobressaem** sobre os alelos **recessivos**.**

Nessa afirmativa, houve 15 concordâncias totais, 1 concordância parcial e 1 discordância total.

Dos 15 participantes que concordaram totalmente, somente um colocou um comentário:

As letras auxiliam na percepção de dominância. (PRQ.10)

Um professor concordou parcialmente e fez o seguinte comentário:

Sim, em casos de dominância completa. (PRQ.3)

E também 1 professor que discordou totalmente:

Não é perceptível a expressão dos alelos no cariótipo da atividade. (PRQ.13)

No caso desse professor que discordou totalmente, ele explicou que a representação do cariótipo no roteiro de atividades não permite a visualização da expressão dos alelos e, desta forma, a correspondência apesar de correta não teria sentido se estivesse relacionada ao cariótipo. Nesse caso, entende-se que o professor considerou a representação do cariótipo, o cariograma como representado, e não o cariótipo.

**H)** Quando as **descrições** do *haploid-book* materno e do *haploid-book* paterno são **iguais**, (exemplos, ambas maiúsculas ou ambas minúsculas) estas correspondem a alelos iguais, determinando um **genótipo homozigoto** para esta característica.

Nessa afirmativa, houve 15 concordâncias totais, 1 concordância parcial e 1 discordância total.

Esta é uma das afirmações que possuem maior número de concordâncias totais. Dois participantes que concordaram totalmente fizeram os seguintes comentários:

Entendo que sim, uma vez que o genótipo determina o fenótipo. (PRQ. 3)

É a melhor maneira de compreender as manifestações fenotípicas. (PRQ.10)

O professor PRQ.11 concordou parcialmente e novamente não deixou claro a justificativa:

Pode ser. (PRQ.11)

A discordância total foi assinalada pelo professor PRQ.13, que fez comentários como da alternativa anterior: “não é perceptível determinar o genótipo homozigoto no cariótipo da atividade”.

**I)** Quando as **descrições** do *haploid-book* materno e do *haploid-book* paterno são **diferentes**, estas correspondem a **alelos diferentes**, determinando um **genótipo heterozigoto** para esta característica

Nessa afirmativa, houve 15 concordâncias totais, 1 concordância parcial e 1 discordância total.

Dois participantes, dentre os que concordaram totalmente, fizeram comentários. Um destes comentários foi igual ao comentário descrito no campo de observação da alternativa “h”:

Entendo que sim, mostrando que o alelo dominante determina o fenótipo em dose dupla ou simples. (PRQ. 3)

É a melhor maneira de compreender as manifestações fenotípicas. (PRQ.10)

O professor PRQ.11 concordou parcialmente e novamente não deixou claro a justificativa, da mesma forma que na alternativa “h”:

Pode ser. (PRQ.11)

A discordância total foi assinalada pelo professor PRQ.13, que fez comentário parecido ao das alternativas anteriores:

Não é perceptível determinar o genótipo heterozigoto no cariótipo. (PRQ.13)

**J) No *haploid-book* somente a **informação descrita** é considerada para a **expressão da característica**, já o **fenótipo** é resultado da interação entre a **expressão genotípica e o meio ambiente**.**

Nessa afirmativa, houve 14 concordâncias totais, 2 concordâncias parciais e 1 discordância total.

Dos 14 participantes que concordaram totalmente, três fizeram comentários:

Tendo em vista o conceito de fenótipo, entendo que sim. (PRQ.3)

Pelo Haploid-book não é possível identificar a interferência do meio ambiente. (PRQ.10)

O exercício que trás reflexão sobre a obesidade pode ajudar no conceito de fenótipo. (PRQ.12)

A concordância parcial foi assinalada por dois professores, contudo somente um justificou:

O Haploid-book já descreve o fenótipo. (PRQ.5)

A discordância total foi assinalada pelo professor PRQ.13, que fez comentário parecido ao das alternativas anteriores, de que “não é perceptível determinar o fenótipo no cariótipo”.

**K) A **combinação aleatória** de diferentes *haploid-books*, proporcionam **características diferentes**, assim como a combinação aleatória de diferentes ovócitos e espermatozoides proporcionam **fenótipos diferentes**.**

Nessa afirmativa, houve 13 concordâncias totais, 3 concordâncias parciais e 1 discordância total.

Dos 13 participantes que concordaram totalmente, quatro fizeram comentários:

Por isso irmãs podem ser tão diferentes entre si. Acho importante destacar os eventos aleatórios e independentes na determinação do genótipo a cada nascimento.” (PRQ.3)

Mostra a diversidade. (PRQ.5)

Fica mais fácil de perceber a variabilidade genética. (PRQ.10)

Sim, os *Haploid-books* apresentam diversidade genética. (PRQ.12)

A concordância parcial foi assinalada por três professores, contudo somente um justificou:

Porque depende da interação com o meio” (PRQ.11)

A discordância total foi assinalada por um professor, PRQ.6, que descreveu a palavra “genótipos” no campo de observação e fez uma seta direcionada para a palavra “fenótipos”.

**L) A estruturação** de dois *haploid-books* (um paterno e um materno) é comparável à **estruturação** de um cariótipo.

Nessa afirmativa, 14 professores concordaram totalmente, 2 concordaram parcialmente e 1 discordou parcialmente.

Dos 14 professores que concordaram totalmente, somente um colocou uma observação:

Que será expresso e visualizado pelo fenótipo (desenho da questão 1). (PRQ.10)

A concordância parcial foi assinalada por dois professores e estes colocaram os seguintes argumentos:

É comparável, um escrito e outro através da representação dos cromossomos. (PRQ.5)

Não consegui perceber muito bem esta estruturação ou comparação com a figura do cariótipo (PRQ.14)

O professor que discordou parcialmente fez a seguinte observação:

Apresenta semelhanças e diferenças. Muitas listadas nesta pesquisa. (PRQ.3)

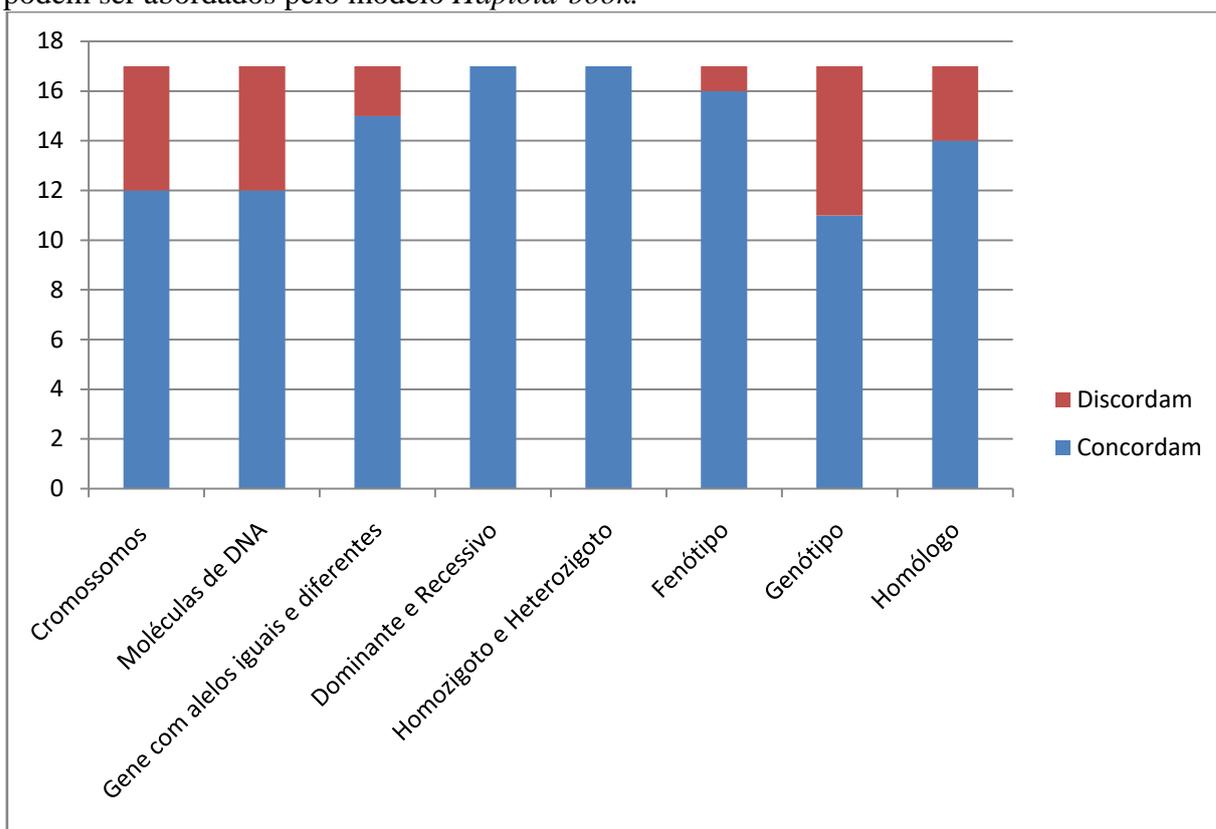
Dois professores, PRQ.13 e PRQ.14 citaram verbalmente que concordam com muitas das correspondências do questionário, mas ficaram na dúvida se todas as comparações seriam com o cariótipo. Eles manifestaram não concordar com a comparação do *Haploid-book* com o cariótipo porque para eles, o cariótipo é apenas uma representação de cromossomos. Na verdade, o cariótipo é o conjunto de cromossomos de uma célula diploide, conforme exposto na análise do roteiro de atividades. As maneiras mais comuns de representá-lo são por fotos (cariograma) ou esquemas (idiograma). O que se percebeu foi que esses professores, bem como o professor PRQ.5, associaram o *Haploid-book* ao modelo do cariótipo, especificamente ao cariograma e não ao cariótipo. Pode-se inferir que um dos motivos desse equívoco, na associação entre cariótipo somente a cariograma, foi a questão 5 do roteiro de atividades que coloca o cariótipo limitado à fotomiografia de cromossomos de uma célula e

apresenta em seguida a representação. Muitas alternativas que estão na categoria seguinte (categoria C), com a presença de um “discordo totalmente”, também podem ser justificadas por essa percepção de cariótipo somente como cariograma.

A questão 4 do questionário apresentou conceitos de Genética, que foram descritos pelos 2 professores que validaram inicialmente o roteiro de atividades como presentes no roteiro de atividades original, e outros conceitos que no roteiro estavam descritos explicitamente.

Os 17 professores participantes foram solicitados a, nessa questão, marcar se concordavam que o modelo *Haploid-book* tem potencial para trabalhar com tais conceitos ou se não tem. No caso de não ter, os professores foram solicitados a justificar. Os resultados dessa questão estão no Gráfico 9.

Gráfico 9 – Concordância ou discordância, segundo professores, de conceitos de genética que podem ser abordados pelo modelo *Haploid-book*.



Fonte: Dados desta pesquisa (2017)

Conforme Gráfico 9, os conceitos de Genética que foram considerados como abordados no modelo *Haploid-book* por todos os professores foram os de “dominante e recessivo” e de “homozigoto e heterozigoto”. O conceito de fenótipo foi considerado como

abordado no modelo didático por 16 professores. O professor que não concordou justificou que “faltam informações sobre a interação com o meio para a expressão do fenótipo” PRQ.11.

Na ordem de concordância, o terceiro conceito foi o ensino de “gene com alelos iguais e diferentes”, com o qual somente 2 professores não concordaram. Ambos os professores não justificaram. O quarto conceito foi o de “Homólogo”, do qual três professores discordaram. Desses, dois não justificaram e um defendeu que, neste caso, a “visualização dos cromossomos no cariógrama elucidaria o conceito completo” (PRQ.9).

A abordagem dos conceitos de “Cromossomos de uma célula diploide (cariótipo)” e “moléculas de DNA de uma célula haploide” no *Haploid-book* foi consenso entre 12 pessoas e 5 professores discordaram. Estes consideram que o ensino de cromossomos e moléculas de DNA não são suficientes somente pelo modelo didático. A discordância, nesse caso, pode ser entendida por uma das frases de um professor:

Confuso isso, acredito que possa ser trabalhado a diferença entre a célula haploide e a célula diploide pelo número de páginas, mas não a diferença de cromossomo e molécula de DNA. (PRQ.12)

Segundo os professores, o conceito menos abordado pelo modelo didático foi o de “genótipo”. Os 6 professores que discordaram justificaram ser possível trabalhar o genótipo desde que houvesse no modelo uma representação do genótipo, como se percebe no seguinte relato: “faltam símbolos de genótipo” (PRQ.12).

Ainda na questão 4 do questionário, os professores também poderiam acrescentar conceitos que eles percebiam cabíveis de serem trabalhados em sala de aula utilizando o modelo didático. Todos esses novos conceitos estão listados no Quadro 17.

Quadro 17– Outras potencialidades para o *Haploid-book* sugeridas pelos professores.

Potencialidades	Professores
Heranças (codominância, alelos múltiplos, dominância completa, polialelia)	PRQ.3, PRQ.9, PRQ.12
Anomalias	PRQ.3, PRQ.10, PRQ.12
Simulação de cruzamentos	PRQ.12, PRQ.16
Probabilidade	PRQ.3 , PRQ.12
Processos de divisão: meiose e mitose	PRQ.3
Gravidez múltipla	PRQ.3
Clone	PRQ.3
Definição do sexo pelo homem	PRQ.10
Discutir com os alunos características e associar a eventos históricos, interdisciplinaridade	PRQ.12

Fonte: Dados desta pesquisa (2017)

Conforme o Quadro 17, dos 17 professores que responderam ao questionário, 5 acrescentaram novas possibilidades de uso do *Haploid-book* em sala. Destas possibilidades, a discussão sobre heranças e anomalias foram as mais citadas, cada uma por 3 professores. Em seguida, dois professores, indicaram o uso do modelo didático para exercícios com simulação de cruzamentos e probabilidade. Outras possibilidades citadas foram: discussão de processos de meiose e mitose; gravidez múltipla; clone; definição do sexo pelo homem; discussão de características descritas no *Haploid-book* e associação destas a eventos históricos (interdisciplinaridade).

Esses conceitos citados foram entendidos e acrescentados, quando possível, no mapeamento estrutural, como pertencentes ao foco potencial do modelo didático conforme descrição no capítulo de resultados dedicado ao mapeamento estrutural.

A última questão do questionário indagou aos professores sobre possíveis inadequações conceituais do modelo didático, a fim de perceber incoerências e/ou ambiguidades. Dos 17 professores que responderam ao questionário, 6 encontraram

possibilidades de conflitos ou compreensões errôneas pelo do uso do modelo *Haploid-book*. Estes possíveis conflitos foram descritos no quadro 18.

Quadro 18– Limitações do uso do *Haploid-book*, descritas no roteiro como “conflitos” ou “conceitos inadequados” pelos professores.

Limitações	Trechos dos professores
Quantidade de descrições (genes) por páginas (cromossomos)	“tem poucos genes por página” (PRQ.12). “dá a entender que cada cromossomo ou molécula de DNA carrega uma única característica” (PRQ.17).
- Diferenciação DNA, gene e cromossomo - Genótipo	“Conceitos DNA, gene e cromossomo. A caracterização do genótipo” (PRQ.8).
Anomalias	“Penso que anomalias seria um conceito difícil de ser trabalhado com <i>Haploid-book</i> ” (PRQ.9).
Comparação do modelo com o cariótipo.	“acredito que o conflito está na comparação com o modelo do cariótipo humano”. (PRQ.14)
Compreensão de fenótipo sem a influência pelo meio.	“Vale ressaltar que o fenótipo compreende fatores comportamentais e fisiológicos de um indivíduo e que podem se influenciados pelo meio”. (PRQ.3)

Fonte: Dados desta pesquisa (2017)

A análise realizada sobre as respostas dos professores, quadro 18, indicou que os “conflitos” citados parecem ser mais limitações do modelo didático, ou seja, temas que o modelo não abrange, como, por exemplo, o trecho de PRQ.9, em que o professor considera difícil o trabalho sobre anomalias com o *Haploid-book* da forma como o modelo está estruturado.

Após a análise do roteiro de atividades e do questionário, encontram-se nas respostas de alguns professores dados preocupantes para o ensino de Genética. Apesar de o objetivo deste trabalho ter sido o estudo aprofundado do modelo didático, dados obtidos pela análise do roteiro e do questionário indicaram dificuldade de alguns professores nos conceitos básicos de genética, mesmo que atuantes no ensino de Genética do ensino médio. Serão descritos abaixo dois equívocos identificados:

- Dificuldade de justificar a não concordância nas correspondências descritas no questionário. Neste caso, um mesmo professor (PRQ.11), que trabalha no ensino médio, fez

comentários somente com expressões como: “pode ser”, “talvez”, “muito mais” e quando questionado, posteriormente, para explicar esses termos, o professor não soube explicar as marcações de concordo e não concordo.

- Equívoco entre o conceito de gene e cromossomo.

Exemplo 1: “o gameta humano possui DNA constituído por 23 pares de genes” (PRQ.2)

Exemplo 2: No quadro de semelhanças e diferenças: Sobre o *Haploid-book* - “Cada página representa um gene do par” (PRQ.10); Sobre o cariótipo - “O gene é desenhado” (PRQ.10)

Sobre o equívoco na distinção entre o conceito de gene e o de cromossomo, Pedreira et al. (2013), analisando respostas de estudantes do ensino superior de Ciências Biológicas e Enfermagem sobre o conceito de “gene”, também identificaram que alguns estudantes tratavam o “gene” e o “cromossomo” como sinônimos. Esses dados compactuam com informações descritas na revisão da literatura de que a formação de professores é também um desafio ao ensino de Genética.

### 5.2.3 Oficina

A oficina consistiu como complementação aos resultados obtidos em etapas anteriores.

Sobre o roteiro, os participantes conseguiram decifrar o resultado final do indivíduo formado a partir de dois livros e perceber o critério de diferenciação dos alelos com descrições em maiúsculo e em minúsculo que correspondem a alelos dominantes e recessivos respectivamente. Além disso, encontraram na questão 3 qual é a dupla de ovócito e espermatozoide capaz de gerar um indivíduo com o conjunto de características descritas. Esses resultados indicam a potencialidade do material como um bom recurso didático já que os professores conseguiram obter as respostas do roteiro sem dificuldades, fazer as correlações esperadas entre o *Haploid-book* e conceitos de Genética e, além disto, em nenhum momento da oficina descreveram o modelo *Haploid-book* e o roteiro como confusos, ou termo parecido.

Foram destacadas, pelos professores, algumas características do modelo e possibilidades de seu uso para discussões em sala de temas que não somente o objetivo inicial

do modelo, que era o de trabalhar conceitos básicos de Genética. Seguem abaixo as reflexões levantadas na oficina:

Primeiramente uma professora que trabalha com Genética descreveu a dificuldade em obter materiais mais interativos para o ensino dessa disciplina e relatou que em suas aulas recorre na maior parte das vezes aos livros didáticos. A professora complementou que o seu objetivo na oficina era o de descobrir novas possibilidades de materiais ou métodos para ensino de Genética em sala de aula que despertassem curiosidade dos estudantes.

No momento de discussão em que os professores apresentaram o resultado do rosto do indivíduo, formado a partir dos livros *Haploid-books* recebidos por cada professor, foi destacada por eles a diversidade genética que pode ser trabalhada a partir da utilização de diferentes combinações de “livros” ou gametas.

Os professores pontuaram também:

- A diferença fenotípica vem primeiramente da diversidade genotípica;
- Possibilidade de produzir esses desenhos dos resultados fenotípicos da questão 1 em interdisciplinaridade com o professor de Artes e de discutir de onde vem a diversidade e qual a importância dela;
- Apresentar os motivos na Genética que ocasionam a diferenciação da cor da pele e discutir preconceitos, trabalhar a igualdade entre as pessoas;
- Conceitos citados que podem ser trabalhados com o *Haploid-book*: genes, alelos, homólogos, determinação do sexo e número de cromossomos;

Por fim, os professores discutiram que o *Haploid-book* pode trabalhar a influência do meio a partir de características presentes nas páginas. No caso, citaram a página que contém descrição sobre a Diabete, mas que esta pode ser discutida complementando informações como alimentação e exercícios.

A oficina foi um momento importante da metodologia, que trouxe ricas contribuições, mesmo com a participação de poucos professores. Isso porque a oficina abriu espaço para que os professores discutissem possibilidades diferentes de trabalho com o modelo didático além do escrito no roteiro de atividades e próximo de suas vivências em sala de aula. Além disso, pode-se exemplificar a oficina para destacar a importância de atividades realizadas em grupo, o que permitiu inferências, levantamento de hipóteses, reflexões e avaliações.

## 5.3 Mapeamento Estrutural

### 5.3.1 Mapeamento Estrutural do *Haploid-book*

A partir de dados obtidos na etapa de contextualização do modelo de ensino segundo seu propósito didático, foi gerado um quadro intitulado de Mapeamento Estrutural. Esse mapeamento está descrito no Quadro 19 e apresenta o resultado do alinhamento estrutural entre os elementos, atributos e relações estabelecidos para os dois domínios da comparação: o *Haploid-Book* (Representante) e o Cariótipo Humano (Representado).

Quadro 19 – Mapeamento estrutural das correspondências entre os *Haploid-Books* (Representante) e o cariótipo humano (Representado)

Modelo	Representação das Correspondências	Entidade de Interesse Científico Modelada
<i>Modelo Haploid-book</i> (6 livros)	$E_1'$	Genomas de células haploides
<i>Haploid-book</i> ovócito	$E_1''$	Genoma do ovócito (Célula haploide)
<i>Haploid-book</i> espermatozoide	$E_1'''$	Genoma do espermatozoide (Célula haploide)
Páginas	$E_2$	Cromossomos
Capítulo	$E_3$	Genes
Descrições	$E_4'$	Alelos
Descrições em letras maiúsculas	$E_4''$	Alelos dominantes
Descrições em letras minúsculas	$E_4'''$	Alelos recessivos
Características	$E_5$	Fenótipo
Conjunto de capítulos	$E_6$	Conjunto de genes - genótipo

Os <i>Haploid-books</i> apresentam informações genéticas	$\longleftrightarrow A_1(E_1) \longleftrightarrow$	Os genomas apresentam informações genéticas (metáfora)
Toda a informação para a formação de um indivíduo está no livro ( <i>Haploid-book</i> )	$\longleftrightarrow D_1 [A_1] \longleftrightarrow$ X	Não está somente no genoma toda a informação para a formação de um indivíduo.
Cada <i>Haploid-book</i> é constituído por 23 páginas	$\longleftrightarrow r_1 (E_1, E_2) \longleftrightarrow$	Cada <u>genoma</u> / gameta é constituído por 23 <u>cromossomos</u> ( <u>Célula haploide</u> )
A união de um <i>Haploid-book</i> ovócito e um <i>Haploid-book</i> espermatozoide, cada um com 23 páginas, compõe um perfil de 46 páginas – dois livros	$\longleftrightarrow R_1(E_1'', E_1''', r_1) \longleftrightarrow$	A união do genoma do ovócito e do espermatozoide, cada um com 23 cromossomos <sup>1</sup> , compõe um total de 46 cromossomos - o <u>cariótipo humano</u> ( <u>Célula diploide</u> )
Os <i>Haploid-books</i> não permitem diferenciação na forma das páginas.	$\longleftrightarrow L_1 [R_1] \longleftrightarrow$ X	O cariótipo humano apresenta diferenciação de aparência forma (cromatina/cromossomo).
A união de dois <i>Haploid-books</i> , com número superior a 46 páginas produziria um perfil diferente. <sup>2</sup>	$\longleftrightarrow R_2 (E_1'', E_1''', r_1) \longleftrightarrow$	O cariótipo humano, com número superior a 46 cromossomos, produziria <u>anomalias<sup>3</sup> numéricas</u> , como, por exemplo, a Trissomia do 21.
O par de páginas que possui características dos cromossomos sexuais é formado pela página 23 proveniente do <i>Haploid-book</i> ovócito e apresenta a descrição X, e pela página do <i>Haploid-book</i> espermatozoide, que pode conter a descrição X ou Y.	$\longleftrightarrow R_3(E_1'', E_1''', r_1) \longleftrightarrow$	O par de <u>cromossomos sexuais</u> é formado pelo cromossomo proveniente do ovócito, o X, e pelo cromossomo proveniente do espermatozoide, que pode ser o X ou o Y.  <u>Homogamético</u> (XX) e <u>heterogamético</u> (XY).
As páginas no <i>Haploid-book</i> ovócito e no <i>Haploid-book</i> espermatozoide que determinam as mesmas características são correspondentes.	$\longleftrightarrow R_4(E_1'', E_1''', r_1) \longleftrightarrow$	Os cromossomos provenientes do ovócito e do espermatozoide que determinam as mesmas características são <u>homólogos</u> .
A página 23 do <i>Haploid-book</i> ovócito é correspondente à página 23 do espermatozoide.	$\longleftrightarrow D_2 [R_4] \longleftrightarrow$ X	O cromossomo sexual X, proveniente da mãe, quando combinado com o cromossomo proveniente do pai, pode ser <u>totalmente homólogo</u> se este também for X <sub>2</sub> ou pode ser <u>parcialmente homólogo</u> se for cromossomo Y.
As páginas dos <i>Haploid-books</i> contêm capítulos.	$\longleftrightarrow r_2 (E_1, E_2, E_3) \longleftrightarrow$	Os cromossomos do genoma contêm <u>genes</u> .

As páginas de cada <i>Haploid-book</i> contém de 1 a 3 capítulos.	$\overleftrightarrow{D_3 [r_2]}$	Os cromossomos do genoma contêm inúmeros genes.
Os capítulos foram colocados nas páginas de forma aleatória, com exceção de características presentes na página 23 - correspondente ao cromossomo sexual	$\overleftrightarrow{L_2 [r_2]}$	Os genes são mapeados segundo localização no cromossomo (locus gênico).
A função dos capítulos é determinar características	$\overleftrightarrow{r_3(E_3, E_5)}$	A função dos genes é determinar fenótipos (Gene-P)
Cada característica é determinada por um capítulo.	$\overleftrightarrow{L_3 [r_3]}$	Cada fenótipo pode ser determinado por vários genes, da mesma forma que um gene também pode determinar diferentes fenótipos. Não existe relação 1x1. (Sobre fenótipos ler $L_4$ )
Descrições diferentes de capítulos determinam características diferentes	$\overleftrightarrow{r_4(E_3, E_5, E_6)}$	Alelos diferentes de genes determinam genótipos/fenótipos diferentes
Cada capítulo pode ser descrições em maiúsculas ou em minúsculas	$\overleftrightarrow{r_5(E_3, E_4'', E_4''')}$	Os genes podem ser <u>alelos dominantes ou recessivos</u> .
Nos dois <i>Haploid-books</i> (ovócito e espermatozoide), as descrições dos capítulos podem ser iguais para cada característica (ex. ambas maiúsculas ou ambas minúsculas)	$\overleftrightarrow{R_5(R_1, r_5, E_6)}$	Com a união do genoma do ovócito e do espermatozoide, os alelos iguais determinam um <u>genótipo homocigoto</u> para esta característica
Na união de dois <i>Haploid-books</i> (ovócito e espermatozoide), as descrições podem ser diferentes para cada característica	$\overleftrightarrow{R_6(R_1, E_4, E_6)}$	Com a união do genoma do ovócito e do espermatozoide, os alelos diferentes determinam um <u>genótipo heterocigoto</u> para esta característica
Nos dois <i>Haploid-books</i> (ovócito e espermatozoide), as descrições em letras maiúsculas sobressaem sobre as descrições em letras minúsculas	$\overleftrightarrow{R_7(R_1, E_4'', E_4''')}$	Com a união do genoma do ovócito e do espermatozoide, a expressão dos <u>alelos dominantes</u> sobressaem sobre a expressão dos <u>alelos recessivos</u> .
Somente uma descrição em letras maiúsculas é suficiente para determinar a característica.	$\overleftrightarrow{R_8(R_6, R_7, E_4'', E_5)}$	Somente um alelo dominante é suficiente para determinar o fenótipo. <u>Herança por dominância completa</u>
Dois descrições em letras maiúsculas diferentes determinam, ambas, sua característica.	$\overleftrightarrow{R_9(R_7, E_4'', E_5)}$	Dois alelos dominantes diferentes que expressam, ambos, seu fenótipo. <u>Herança por codominância</u>

A descrição em letra minúscula somente é expressa quando ela é combinada com outra descrição em letra minúscula	$R_{10}(R_7, E_4, E_5)$	O alelo recessivo é expresso somente quando ele é combinado com outro alelo recessivo. <u>Herança recessiva</u>
No <i>Haploid-book</i> sobre a característica “Sistema ABO” podem existir 3 descrições distintas com possibilidade, quando combinadas, de formar 4 características diferentes resultantes	$R_{11}(r_4, E_1, E_4)$	No genoma, sobre o “Sistema ABO”, podem existir 3 alelos distintos, que quando combinados podem formar 4 fenótipos diferentes. <u>(Polialelia/Alelos múltiplos)</u>
Existem capítulos encontrados somente na página 23 dos <i>Haploid-books</i> . Podem ser:  ▪ gene SRY ▪ Daltonismo e Hemofilia	$R_{12}(E_1, R_5)$	Existem genes encontrados somente no cromossomo sexual dos gametas. Podem ser: ▪ gene SRY: <u>determinação do sexo biológico masculino / Herança restrita ao sexo;</u> ▪ Daltonismo e Hemofilia: <u>Herança ligada ao cromossomo X</u>
No <i>Haploid-book</i> somente a informação descrita é considerada para a expressão da característica	$L_4 [r_3, r_4, R_8, R_9]$	O <u>fenótipo</u> é resultado da interação entre a expressão genotípica, o organismo e o meio ambiente.
A combinação aleatória de diferentes <i>Haploid-books</i> determinará características diferentes	$R_{13}(r_2, r_3, R_1)$	A combinação aleatória de diferentes ovócitos e espermatozoides determinam fenótipos diferentes. <u>Diversidade genética</u>

Fonte: Produzido conforme representação de Ferry (2016a) e Ferry, Almeida, Almeida (2016), adaptado. As observações 1, 2, 3 em palavras do mapeamento estão descritas no texto abaixo.

O Mapeamento Estrutural, apresentado no quadro 19, indicou que a comparação, estabelecida envolveu seis elementos ( $E_1, E_2, E_3, E_4, E_5, E_6$ ), um atributo do primeiro elemento ( $A_1$ ); cinco relações de primeira ordem ( $r_1, r_2, r_3, r_4, r_5$ ) e treze relações de segunda ordem ( $R_1, R_2, R_3, R_4, R_5, R_6, R_7, R_8, R_9, R_{10}, R_{11}, R_{12}, R_{13}$ ), envolvendo as cinco relações de primeira ordem. Nas relações estabelecidas encontraram-se quatro limites ( $L_1, L_2, L_3, L_4$ ) entre o modelo e a entidade de interesse científico e três diferenças alinháveis ( $D_1, D_2, D_3$ ).

Conforme citado na metodologia, nesse mapeamento buscou-se conter não somente o foco contextual de uso do *Haploid-book* de acordo com o seu roteiro de atividades, mas também apresentar o seu foco potencial com possíveis conteúdos do modelo curricular de Genética que poderiam ser também trabalhados utilizando o modelo didático.

Destacam-se algumas observações do mapeamento:

- <sup>1</sup> No elemento E<sub>2</sub> -correspondência página/ cromossomo - Importante indicar que no genoma, o material genético está descondensado na forma de cromatina. Didaticamente parte dos participantes da pesquisa acredita que, nesse caso, é melhor manter o termo cromossomo a outro termo como “moléculas de DNA”. Além disso, a expressão “moléculas de DNA” não seria adequada neste contexto de aplicação do modelo didático, em que o gene deve ser visto como instrumental (gene-P).
- <sup>2</sup> Em nenhum dos modelos *Haploid-books* produzidos em 2015 ocorreu a duplicação proposital de alguma página a fim de trabalhar alguma anomalia genética. Na página 21, contudo, existe uma mensagem sobre a possibilidade dessa duplicação para o estudo da Trissomia do 21.
- <sup>3</sup> As diferentes anomalias, com exceção da citação da trissomia do 21 no modelo, não foram trabalhadas no roteiro e no *Haploid-book*.

Como foram discutidas na revisão da literatura as concepções do termo “modelo”, acrescenta-se que, na coluna do Quadro 19, destinada a descrever a “entidade de interesse científico a ser modelada”, constam definições de conteúdos de Genética que estão delimitadas aos conteúdos de ensino médio e que, portanto, referem-se ao *modelo curricular*. Reitera-se que esse mapeamento não tem como objetivo correlacionar o *Haploid-book* a toda complexidade do material genético presente nas células, o modelo científico e, sim, estabelecer as correspondências de acordo com o contexto de aplicação do modelo didático, o que destaca a importância da primeira parte da sequência metodológica desenvolvida por Ferry (2016b) que consiste nesta caracterização.

Sobre a distinção de foco contextual e foco potencial, considera-se que nesse mapeamento o foco contextual foram os conteúdos trabalhados no roteiro de atividades, que foram indicados pelos professores que validaram e depois confirmados pelos professores participantes da pesquisa. O foco abordado pelo roteiro inclui os seguintes atributos e relações neste mapeamento: A<sub>1</sub>, r<sub>1</sub>, r<sub>2</sub>, r<sub>3</sub>, r<sub>4</sub>, r<sub>5</sub>, R<sub>1</sub>, R<sub>4</sub>, R<sub>5</sub>, R<sub>6</sub>, R<sub>7</sub>, R<sub>8</sub>, R<sub>10</sub> e R<sub>13</sub>.

Além do foco contextual, os professores foram questionados sobre as novas possibilidades de uso do *Haploid-book* que ainda não haviam sido citadas no roteiro. As relações segundo o foco potencial são R<sub>2</sub>, R<sub>3</sub>, R<sub>9</sub>, R<sub>11</sub>, R<sub>12</sub>. Além dessas, outras potencialidades citadas pelos professores não foram mapeadas pela dificuldade que encontrou-se de adicioná-las ao mapeamento, são elas: simulação de cruzamentos, a probabilidade, a meiose, interdisciplinaridade e discussão de preconceitos.

Além disso, é importante acrescentar que o número de correspondências aqui propostas não se constitui na totalidade de comparações possíveis a serem feitas. Conforme descrito por Ferry & Nagem (2008) as analogias possuem um caráter dinâmico que possibilita uma espécie de movimento. Movimento de comparação entre os aspectos semelhantes e diferentes, com a aproximação e o afastamento de dois domínios em correspondência. Isso quer dizer que através do pensamento do aluno, com a intervenção do professor, é possível que outras correspondências sejam apontadas a essa analogia, o que constitui um exemplo de reflexão, interação e participação de estudantes e professores na construção dos análogos, conforme discutido por Nagem, Carvalhães & Dias (2001).

### **5.3.2 Análise das limitações, das potencialidades e das restrições estruturais**

A análise do Mapeamento Estrutural foi descrita abaixo de acordo com a seguinte ordem: primeiramente segue a descrição e a análise das limitações identificadas no mapeamento, e logo após, as potencialidades do modelo didático. Posteriormente, foi realizada uma discussão das restrições estruturais (foco, consistência estrutural e sistematicidade) e, em seguida, foi descrita uma comparação entre o mapeamento inicial do *Haploid-book* realizado por Gouveia et al. (2015) e o mapeamento desse modelo didático produzido nesta dissertação.

#### **a) Limitações do modelo *Haploid-book***

A compreensão da analogia está relacionada à condição do aluno não só de entender as semelhanças que existem entre o modelo didático e a entidade de interesse científico, mas também de observar os limites ou diferenças visando a promover aos processos de ensino e de aprendizagem dos conceitos científicos uma acepção dinâmica, reflexiva e confrontadora. (FERRY; NAGEM, 2008). Em estudo de revisão de literatura, Duarte (2005) também destacou a importância de compreender as dificuldades/problemas que são colocadas no uso de analogias no ensino de Ciências. E, entre essas dificuldades pode-se destacar a possibilidade de estudantes “centrarem-se nos aspectos positivos da analogia e desvalorizar as suas limitações” (DUARTE, 2005, p. 12). Segundo Mozzer & Justi (2015) a importância de apresentar as limitações aos estudantes é que estes compreendam os modelos e, portanto, também as analogias, como representações parciais de um domínio alvo resultante do estabelecimento de uma relação analógica com este.

A limitação de L<sub>1</sub> refere-se à discussão que os professores apontaram no questionário sobre a diferenciação entre cromossomo e cromatina, que é perceptível no cariógrama, mas que o *Haploid-book* não contempla. Muitos professores concordaram que nesse caso, o ideal seria usar o termo cromossomo, sem então o uso do termo “moléculas de DNA” como sugerido durante a validação.

A limitação L<sub>2</sub> refere-se a não possibilidade de colocar no modelo *Haploid-book* as descrições de genes de acordo o cromossomo, ou seja, na respectiva página. Neste caso, também existe a dificuldade em ensinar o conceito de *locus* gênico a partir deste modelo didático, como discutido por professores no roteiro de atividades e no questionário. O ensino de *locus* gênico com o *Haploid-book* traria um aspecto realista ao conceito de gene, e como consequência, ambiguidades ao modelo de gene que o modelo didático apresenta como instrumental.

A limitação L<sub>3</sub> refere-se à característica do modelo didático de apresentar um (1) gene para uma (1) característica. El-Hani (2014) destaca que o gene-P está associado com muita frequência à expressão “gene para” em enunciados com a forma “X é um gene para Y”, em que X corresponde a um gene particular no genoma e Y a uma característica.

Em L<sub>4</sub>, a limitação é a não representação de como o meio ambiente, ou outros fatores, que em um processo complexo em dinâmico, interagem com o genoma e interferem no fenótipo. Sabendo-se que o meio interage com o genoma na formação do fenótipo, propôs-se que esta limitação seja utilizada pelo professor de forma a promover reflexões em sala e gerar uma análise crítica pelos estudantes a respeito da influência dos genes no desenvolvimento do indivíduo. Percebe-se no roteiro de atividades a reflexão da limitação L<sub>4</sub> na atividade em que se pedia para discutir as seguintes frases: “*será que uma pessoa que possui genes ativos para o armazenamento excessivo de gordura, necessariamente desenvolverá a obesidade? Gêmeos univitelinos possuem personalidade e comportamentos iguais?*”. Esses são exemplos de questionamentos que estavam presentes no roteiro de atividades, mas outros poderão ser levantados pelo professor ou pelos próprios estudantes. Na oficina surgiu a discussão, como se descreveu-se anteriormente, da característica diabetes ser desenvolvida ou não em um indivíduo.

Na análise das limitações do modelo didático *Haploid-book*, descritas no mapeamento, perceberam-se que essas são também limitações do conceito de gene-P, que discutiu-se durante a análise do conceito de gene inferido pelos professores. Esses dados corroboram com

a identificação do conceito de gene-P por todos os professores que responderam o questionário, bem como dos que validaram.

Na análise do roteiro de atividades, encontrou-se a discussão somente da limitação L<sub>4</sub>, as demais limitações não estavam explicitadas no texto. Nesse caso, essas limitações poderiam ser trabalhadas no quadro de semelhanças ou diferenças, bem como poderiam ser criadas outras atividades que as contemplassem como, por exemplo, que o professor solicitasse aos estudantes para tentarem identificar estas 4 limitações, considerando os aspectos trabalhados em sala. Mozzer & Justi (2015) declararam que as limitações são inerentes a qualquer comparação e que o “problema” é a não explicitação delas. Por isso, consideram-se que as limitações apontadas em neste mapeamento são importantes aspectos a serem discutidos com os estudantes em sala de aula.

#### **b) Potencialidades do modelo *Haploid-book***

Considera-se que o mapeamento estrutural, além da percepção de como a analogia foi estruturada no modelo didático, também foi capaz de sintetizar em um mesmo quadro as potencialidades identificadas pelos professores tanto no roteiro de atividades, quanto no questionário. As potencialidades, ou seja, as possibilidades de relacionar o modelo com a entidade de interesse científico segundo o propósito didático mostraram-se abrangente pela alta quantidade de relações de ordem superior bem como também pelo grande número de conceitos que podem ser abordados. Os conceitos abordados relacionados de alguma forma ao modelo didático foram sublinhados no mapeamento estrutural e estão listados abaixo:

- Genoma
- Cromossomos
- Célula haploide
- Célula diploide
- Cariótipo humano
- Cromossomos sexuais (homogamético ou heterogamético)
- Anomalias numéricas
- Cromossomos homólogos
- Gene-P
- Alelos dominantes e recessivos
- Homozigoto e heterozigoto

- Heranças (dominância completa, codominância, herança recessiva, alelos múltiplos, herança restrita ao sexo, herança ligada ao cromossomo X)
- Fenótipo
- Diversidade genética
- Genótipo
- Determinação do sexo biológico

O grande ganho do modelo *Haploid-book* não é a quantidade de conceitos abordados, porque cada um desses conceitos não foi explicado em profundidade no modelo didático. O ganho parece ser apresentar um modelo didático que pode relacionar e diferenciar muitos conceitos. Este é um dos desafios ao ensino de Genética descrito por Knippels et al. (2005) e Resnik (1995): a necessidade de um ensino mais integrado e menos fragmentado.

Em outras etapas da pesquisa, como no questionário e na oficina, encontrou-se a possibilidade de outras relações específicas e conceitos também serem explorados pelo modelo como, por exemplo, a simulação de cruzamentos, a probabilidade, a meiose, interdisciplinaridade e discussão sobre preconceitos. Destacamos que a análise de cruzamentos e de probabilidade são contextos de aplicação importantes para o trabalho com o conceito de gene-P.

Dessa forma, neste estudo, percebeu-se que o modelo didático apresenta possibilidade de trabalhar com os conceitos listados acima, contudo, como esses conceitos serão abordados em uma sala de aula dependerão da participação do professor e do grupo de estudantes o que poderá provocar uma maior ou menor discussão e correlação entre estes e, conseqüentemente, uma maior ou menor exploração do modelo didático e de sua analogia na qual este é baseado. Por tudo isso, entende-se que o uso em sala de aula e as potencialidades do modelo também dependerão da experiência do professor que poderá perceber novas oportunidades de uso do *Haploid-book*, bem como também poderá depender do interesse e curiosidade dos próprios estudantes.

### c) Restrições estruturais

O mapeamento entre o *Haploid-book* e o cariótipo indicou que essa comparação atende às três restrições estruturais descritas por Gentner & Markman (1997), ou seja, trata-se

de uma analogia estruturalmente consistente, com foco relacional e possui alta sistematicidade.

Percebemos a consistência estrutural da comparação na medida em que as relações de primeira e segunda ordem foram estruturadas seguindo uma conectividade em paralelo.

Além disso, na análise do foco, mais do que uma correspondência entre elementos e atributos, o Mapeamento Estrutural determinou a presença de foco relacional envolvendo relações comuns aos dois domínios. Uma vez que as correspondências estabelecidas entre os dois domínios (*Haploid-book* e cariótipo) configuraram-se predominantemente por relações, concluiu-se que a comparação que estruturou a atividade didática apresenta foco relacional e um significativo potencial analógico, de acordo com o referencial teórico.

Por ser um modelo didático estruturado principalmente em relações, este modelo pode ser categorizado, segundo Ferry (2016b), como um *modelo relacional*. Destaca-se ainda, neste estudo, que a participação de mais professores bem como de estudantes favoreceu o aumento de relações identificadas e, portanto, favoreceu a identificação do foco relacional.

Por conter 5 relações de primeira ordem e todas essas 5 relações estarem presentes e distribuídas em relações de ordem superior, bem como também por terem sido obtidas um total de 13 relações de ordem superior no mapeamento, considerou-se que o modelo didático *Haploid-book* possui alta sistematicidade, em escala de valor 4, considerando-se os critérios expostos na metodologia sobre a sistematicidade.

Sobre a sistematicidade, destaca-se que os critérios propostos no quadro 7 desta dissertação foram criados devido à falta de uma forma de expressar seu valor segundo uma escala numérica. Contudo, espera-se que a partir de novas pesquisas e de novos mapeamentos, sobretudo com modelos analógicos, os critérios propostos possam ser reavaliados.

Sendo a metodologia de análise com modelos didáticos de Ferry (2016b) ainda recente, a pesquisa de que se tem conhecimento que trabalha com essa análise estrutural é a de Ferry, Almeida & Almeida (2016). Nesse trabalho, os pesquisadores, ao analisarem o modelo MAES-3DMF - referente a uma representação parcial de aspectos do espaço sideral e a partir do levantamento das entidades de interesse científico, distinguiram três contextos de uso do MAES-3DMF. Com isso foram elaborados também três mapeamentos estruturais frente a cada entidade.

Diferentemente do modelo MAES-3DMF, o modelo *Haploid-book* apresentou um mesmo contexto de uso e, por isso, somente um mapeamento. Isso significa que não se identificou a possibilidade do *Haploid-book* corresponder a outra entidade de interesse

científico do que o material genético presente em uma célula e, com isso, também não se percebeu a possibilidade de elementos como livro, páginas e outros alterarem sua correspondência com a entidade de acordo em outro contexto de aplicação do modelo. Outra diferença observada foi que o modelo MAES-3DMF pode se manifestar ora como modelo relacional e ora como modelo de mera-aparência, enquanto o *Haploid-book* apresenta-se somente como um modelo relacional.

O objetivo dessa comparação entre o *Haploid-book* e o MAES-3DMF não foi evidenciar se um modelo possui maior abrangência do que outro porque ambos representam parcialmente entidades diferentes e, portanto com propósitos completamente diferentes também. Essa comparação, neste caso, teve o objetivo de discutir as diferentes análises que podem ser percebidas a partir do mapeamento e de suas restrições estruturais e de como essas restrições podem auxiliar na compreensão dos diversos modelos de ensino.

Para o nível de comparação de abrangência, entende-se ser necessário o mapeamento estrutural de um modelo didático que tenha como propósito alguma das potencialidades descritas no item anterior.

Por fim, de acordo Ferry (2016b), os fatores que favorecem a abrangência de um modelo didático são a consistência estrutural, o foco relacional e a alta sistematicidade; e os fatores que tornam o modelo mais restritivo são o foco em atributos e a baixa sistematicidade. Dessa forma, segundo esses critérios descritos por Ferry (2016b), entende-se que o *Haploid-book* possui ampla abrangência, o que condiz com o número amplo de relações que foram identificadas e listadas no item anterior.

#### **d) Comparação do mapeamento com anterior produzido por Gouveia et al. (2015)**

Em comparação com dados obtidos por Gouveia et al. (2015), o estudo desta dissertação envolveu um número maior de professores, bem como também contou com a participação de 2 estudantes, o que possibilitou a identificação e o desenvolvimento de mais correspondências do que as apontadas em estudo anterior. Estes dados podem ser observados no quadro comparativo abaixo (Quadro 20).

Quadro 20 – Comparativo entre correspondências obtidas por Gouveia *et al.* (2015) e o presente estudo.

<b>Correspondências</b>	<b>Gouveia et al. (2015)</b>	<b>Estudo atual</b>
Elementos	7	6
Atributos	4	1
Relações de primeira ordem	10	5
Relações de segunda ordem	2	13
Limitações	1	4
Diferenças alinháveis	_____	3

Fonte: Dados desta pesquisa (2017) e de Gouveia et al. (2015)

O Mapeamento Estrutural do modelo *Haploid-book*, nesta pesquisa, ficou diferente do mapeamento realizado por Gouveia et. al. (2015), com menor número de elementos, atributos e relações de primeira ordem, contudo com um número significativamente maior de relações de segunda ordem.

Primeiramente destaca-se a diminuição de elementos no Quadro 20. Nesse caso, entendeu-se que esta diminuição ocorreu devido ao agrupamento neste estudo de dois elementos -  $E_1$  e  $E_4$ .

A alteração nos números das correspondências deve-se principalmente à possibilidade de este estudo discutir com número maior de professores cada correspondência citada antes, propiciando sua segunda análise.

Deste estudo, alguns elementos, atributos, relações e limitações foram acrescentados, outros excluídos, mas também houve relações de primeira ordem, que a partir de mudanças em alguns elementos e estruturas, foram percebidas como de segunda ordem, e não de primeira. Este último é um dos motivos do acréscimo de relações de segunda ordem e diminuição das relações de primeira ordem. Mas não somente isso, contando o total de relações, foram identificadas 13 em Gouveia et al. (2015) e 17 no estudo atual, indicando a percepção de maior potencialidade do modelo *Haploid-book* do que antes havia sido percebida.

Ainda sobre o número de relações obtidas, em Gouveia et al. (2015) foi descrita a relação estrutural “ $r_2$ ” que neste estudo foi considerada inapropriada devido a variabilidade de conceitos de genes presente no mapeamento e a importância da delimitação do modelo de

função gênica. Em  $r_2$  foi realizada comparação entre as letras que descrevem características no *Haploid-book* e os nucleotídeos que formam um gene. Pelo estudo dos conceitos de gene, neste contexto de aplicação do modelo didático, que contém um conceito instrumental do gene (o gene-P) é inadequado estabelecer neste mesmo contexto relações associadas ao modelo molecular-informacional - o conceito molecular clássico do gene.

Além disso, as limitações, aspectos importantes a serem considerados na representação por modelos didáticos, como visto anteriormente, também ficaram mais evidentes com esta pesquisa.

Em relação ao mapeamento anterior, bem como no mapeamento de Ferry, Almeida & Almeida (2016), também houve uma adaptação nesta pesquisa quanto à forma na descrição das correspondências na coluna de “entidade de interesse científico”. Essa adaptação consistiu, conforme mapeamento do Quadro 19, na descrição com sublinhado de qual é o conceito de Genética que está sendo trabalhado nas relações, limitações ou diferenças alinháveis. Seguem abaixo exemplos de cada:

- Relação  $R_7$  - Relação estabelecida com o propósito de evidenciar a Herança por dominância completa: “Somente um alelo dominante é suficiente para determinar o fenótipo.”
- Limitação  $L_4$  - Limitação estabelecida com a finalidade de discutir o conceito de fenótipo: “O fenótipo é resultado da interação entre a expressão genotípica e o meio ambiente.”
- Diferença alinhável  $D_2$  - Diferença estabelecida com o propósito de discutir a diferença entre cromossomos totalmente e parcialmente homólogos: “O cromossomo sexual X, proveniente da mãe, quando combinado com o cromossomo proveniente do pai, pode ser totalmente homólogo se este também for  $X_1$  ou pode ser parcialmente homólogo se for cromossomo Y.”

Mesmo que este estudo contenha maior número de etapas metodológicas, considera-se que mais correspondências podem ser encontradas a partir de novas pesquisas, e que as correspondências estabelecidas no mapeamento desta dissertação podem ser revistas a partir de novos estudos sobre o contexto de aplicação do modelo didático, bem como estudos sobre os modelos de função gênica e outros.

## 6 PERSPECTIVAS SOBRE O USO DO *HAPLOID-BOOK* EM SALA

Entende-se que o modelo *Haploid-book* está em processo de modelagem e que esta pesquisa apresenta-se como importante etapa, a fim de compreender no modelo as suas abrangências e limitações a partir dos referenciais teóricos e do que pensam professores sobre esse modelo. Conforme visto na revisão da literatura sobre os modelos didáticos e sobre o processo de modelagem (JUSTI; GILBERT, 2002; JUSTI, 2015; MOZZER; JUSTI, 2015; PAGANINI; JUSTI; MOZZER, 2014) a modelagem é um processo complexo, dinâmico, sem ordem rígida e que pode apresentar etapas como a elaboração, testes, refino do modelo e avaliação.

Os dados obtidos nesta pesquisa, conforme citado anteriormente, foram também utilizados durante uma pesquisa PIBIC-Jr que reestruturou o modelo *Haploid-book*. Essa reestruturação permitiu várias mudanças no *Haploid-book* como, por exemplo: foram acrescentados imagens com o objetivo de facilitar a compreensão do aluno do fenótipo; aumento de características descritas no modelo didático; inclusão de anomalias como a miopia e a polidactilia; inclusão de conceitos como de genes letais e de símbolos para representar o genótipo; e outros.

A reestruturação do roteiro também ampliou o contexto de uso do *Haploid-book*, possibilitando que sugestões de professores neste trabalho indicadas como potencialidades estivessem presentes no novo roteiro, como por exemplo, o estudo de diversas heranças, probabilidade e interligação do *Haploid-book* com o processo de meiose.

Resultados iniciais da pesquisa PIBIC-Jr sobre a aplicação do modelo reestruturado em um grupo de 8 estudantes do terceiro ano do ensino médio indicou que os participantes foram capazes de lembrar conceitos anteriormente estudados e fazer correlações, sugerindo que esta atividade também poderia ser utilizada como revisão. Além disto, os participantes citaram que a resolução do roteiro atividades junto ao modelo didático foi uma atividade “divertida” (termo utilizado pelos estudantes), que despertou interesse e curiosidade.

Diante dos dados do PIBIC-Jr e desta pesquisa, como principal perspectiva de estudos com este modelo indica-se a necessidade de que o modelo e o roteiro de atividades, ambos reestruturados, sejam avaliados a partir de estudos com um grupo maior de estudantes de ensino médio.

Além disso, mesmo com estes resultados e da perspectiva de uso do modelo com estudantes, entende-se que todo o modelo didático pode ser sempre modificado a fim de sua

adequação ao modelo curricular bem como ampliação de sua abrangência. Por isso, acredita-se que o estudo com estudantes possibilitará novas avaliações e possíveis propostas de novas modificações do modelo didático.

Sobre a possibilidade de modificação no *Haploid-book*, sugere-se a construção de um modelo didático similar ao *Haploid-book* que possa ser utilizado em sala de aula, especialmente direcionado a trabalhar algumas anomalias cromossômicas como, por exemplo, a trissomia do 21, a Síndrome de Turner (Cariótipo 45,X) e outras. Esta sugestão surgiu a partir do relato de alguns professores participantes desta pesquisa.

Ainda sobre o uso do *Haploid-book* em sala de aula, alguns professores apresentaram de forma espontânea a hipótese de que o *Haploid-book* seria um bom modelo didático também para o ensino de Genética no ensino fundamental. Essas falas espontâneas provavelmente ocorreram porque no grupo de participantes um total de 14 professores também possui experiência no ensino fundamental e podem ter relacionado o *Haploid-book* a sua prática de ensino. Diante dessas opiniões, considera-se pertinente a possibilidade de estudo de viabilidade deste modelo didático e de um roteiro reestruturado ao ensino fundamental.

Além do estudo com estudantes do ensino básico em uma sala de aula, acredita-se que o modelo didático *Haploid-book* pode ser um interessante recurso didático na formação de professores para discussão e reflexão em sala de aula sobre os conceitos de gene, uso de analogias e modelos didáticos, bem como a interação entre os conteúdos de Genética.

## 7 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Este trabalho apresentou a análise de uma proposta de atividade didática com potencial analógico, na qual foram comparados aspectos de um livro modelado e denominado “*Haploid-book*” aos conceitos relacionados ao cariótipo humano. A análise foi baseada nas impressões dos professores de Biologia sobre esse modelo, tendo como referencial a Metodologia de Ensino com Analogias; as múltiplas abordagens dos conceitos de genes descritos em literatura e a Teoria do Mapeamento Estrutural proposta por Gentner (1983).

A análise do roteiro de atividades que acompanha o *Haploid-book* permitiu que se pudesse explorar o contexto de aplicação do modelo didático e compreender sua construção com base na Metodologia de Ensino com Analogias proposta por Nagem, Carvalhães & Dias (2001). Além disso, a MECA possibilitou que a apresentação do objeto de estudo, o *Haploid-book*, aos participantes da pesquisa com maior isonomia entre os professores e com menor interferência da pesquisadora.

Na revisão da literatura, destacou-se que o termo ‘gene’, elemento central do modelo *Haploid-book*, possui diversos significados, contudo essa variabilidade não constitui, em si, um problema, desde que o contexto de aplicação de cada significado esteja bem demarcado, de modo a não resultar em ambiguidades e confusões semânticas. Por esse motivo, estudou-se, a partir do relato de professores, quais os conceitos de genes e os modelos de função gênica podem ser inferidos a partir do roteiro de atividades e do modelo *Haploid-book*. Nos resultados, foram identificados três conceitos de genes: o mendeliano, o gene-P e o informacional. E destes, os conceitos que sobressaíram foram o mendeliano e o gene-P. Esses dois conceitos possuem como característica principal a determinação genética e o conceito instrumental do gene.

A análise dos resultados do quadro de semelhanças e diferenças do roteiro de atividades e o questionário possibilitaram ainda que se pudesse identificar novas correspondências e conhecer o que os professores pensam sobre as correspondências do mapeamento anterior realizado por Gouveia et al. (2015) entre o modelo didático e o cariótipo. Como resultado, os professores validaram algumas correspondências, identificaram novas relações bem como também descreveram limitações das correspondências. Essas limitações nessa análise foram classificadas como de fato limitações ou como diferenças alinháveis. Todas essas correspondências foram transferidas e representadas em um quadro, baseado na Teoria do Mapeamento Estrutural de Gentner (1983) e na metodologia de Ferry

(2016a), o que propiciou uma descrição detalhada e rica das potencialidades e limitações do modelo didático *Haploid-book* (problema desta pesquisa). Além disso, como adaptação do mapeamento, também identificou-se em cada relação a qual o conceito de Genética essa relação refere-se.

Dentre uma grande quantidade de conceitos apresentados no mapeamento, o modelo *Haploid-book* possui como potencialidade a capacidade de relacionar e diferenciar esses conceitos descritos. Contudo, também se entende que, numa sala de aula, a partir da experiência do professor, como visto na etapa da oficina, é possível perceber novas oportunidades de uso do *Haploid-book* para o ensino.

Sobre as limitações do modelo didático *Haploid-book*, descritas no mapeamento, percebe-se que essas são também limitações do conceito de gene-P. Esses dados corroboram com a identificação do conceito de gene-P por todos os professores que responderam o questionário, bem como dos que validaram.

Destaca-se que esta Teoria do Mapeamento é uma ferramenta ainda pouco utilizada na sistematização de similaridades entre domínios das analogias e, principalmente, de modelos baseados em analogias, mas permitiu a análise da comparação ao identificar correspondências estruturais entre elementos, atributos e relações existentes em ambos os domínios. Essa distinção, apesar de necessária, ainda é pouco mencionada nos trabalhos dedicados às análises de analogias.

A análise das restrições estruturais descritas por Gentner & Markman (1997) indicou que a analogia que estruturou o modelo didático é estruturalmente consistente, tem alta sistematicidade e possui foco relacional, com a presença de muitas relações superiores.

Diante dos dados apresentados, concluiu-se que a atividade proposta se configura como uma alternativa didático-pedagógica, tendo em vista a natureza da comparação analisada. Considera-se pertinente a avaliação dessa atividade didática sendo aplicada a uma situação real de sala de aula, a fim de se discutir com mais propriedade as suas implicações para os processos de ensino e de aprendizagem.

## REFERÊNCIAS

- ALVARENGA, G. R. *Análise Estrutural de Analogias em Livros Didáticos de Química*. 2017. 95 f. Dissertação (Mestrado em Educação Tecnológica) - Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais, Belo Horizonte, 2017.
- ALVES-MAZZOTTI, A. J.; GEWANDSZNAJDER, F. *O método nas ciências naturais e sociais: pesquisa quantitativa e qualitativa*. São Paulo: Pioneira, 2001.
- ARAÚJO, Aldo Mellender de; MARTINS, Lilian Al-Chueyr Pereira. A teoria cromossômica da herança e a teoria do plasmídeo de Toledo Piza Jr.: um confronto esquecido. *Filosofia e História da Biologia*, v. 3, p. 1-19, 2008.
- BANET, E.; AYUSO, G. E. Teaching of Biological Inheritance and Evolution of Living Beings in Secondary School. *International Journal of Science Education*, v.25, p.373-407, 2003.
- BARDIN, Laurence. *Análise de conteúdo*. Trad. Luís Antero Reto e Augusto Pinheiro. São Paulo: 70. 2011.
- CEFET-MG/Coordenação de Área de Ciências. *Diálogos 2017*. Disponível em: <http://www.cac.cefetmg.br/2017/05/26/dialogos-2017/>. Acesso em: 20 jul. 2017.
- CHO, H.M.; KAHLE, J.B. & NORDLAND, F.H. An investigation of high school biology textbooks as sources of misconceptions and difficulties in genetics and some suggestions for teaching genetics. *Science Education*, v. 69, p. 707-719, 1985. In: GOLDBACH & EL-HANI, 2008.
- DUARTE, M. C. Analogias na educação em ciências: contributos e desafios. *Investigações em Ensino de Ciências*. v. 10, n. 1, p. 7-29, 2005.
- DUIT, R. On the Role of Analogies and Metaphors in Learning Science. *Science Education*. v. 75, n. 6, p. 649-672, 1991.
- EL-HANI, C. N. O gene na virada do século XX para o XXI. In: C. E.-H. Olival Freire Junior. *Ciência na Transição dos Séculos, Práticas e Historicidade*. Salvador: UFBA, 2014, p. 57-104.
- EL-HANI, C. N. Between the cross and the sword: The crisis of the gene concept. *Genetics and Molecular Biology*, v. 30, n. 2, p.297-307, 2007.
- EVANGELISTA, N. A. *O Conceito de Gene em Livros Didáticos de Biologia Celular e Molecular do Ensino Superior*. 2016, 218f. Dissertação (Programa de Pós-Graduação em Ensino, Filosofia e História das Ciências) – Universidade Federal da Bahia, Salvador, 2016.
- FERRAZ, D. F.; TERRAZZAN, E. A. O uso espontâneo de analogias por professores de biologia: observações da prática pedagógica. *Ensaio – Pesquisa em Educação em Ciências*, v. 4, n. 2, dez. 2002.

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. *Análise Estrutural e Multimodal de Analogias em uma Sala de Aula de Química*. 2016. 170 f. Tese (Doutorado em Educação). Faculdade de Educação, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, 2016a.

FERRY, A. S. Metodologia de Análise de Modelos Didáticos. In: Encontros Semanais do GEMATEC (Grupo de Estudos em Modelos, Metáforas e Analogias na Tecnologia, na Educação e na Ciência) do CEFET-MG, 01 dez. 2016, Belo Horizonte. *Slides da Apresentação*. Belo Horizonte: CEFET-MG, p. 19, 2016b.

FERRY, A. S.; ALMEIDA, D. J. E.; ALMEIDA, R. B. S. MAES-3DMF: mapeamento estrutural de um Modelo Analógico do Espaço Sideral 3D em Meio Fluido para o ensino de Ciências. In: *Latin American Science Education Reserch Association (LASERA)*, San José de Costa Rica, 25 a 28 de outubro, 2016.

FERRY, A. S.; NAGEM, R. L. Analogias & contra-analogias: uma proposta para o ensino de ciências numa perspectiva bachelardiana. *Revista experiências em Ensino de Ciências*, v. 3, n.1, p. 7-21, 2008.

FERRY, A. S.; NAGEM, R. L. Modelo de compreensão do raciocínio analógico por duas vias: uma contribuição para o ensino e a aprendizagem em ciências com recursos às analogias. *Latin American Journal of Science Education*, v. 1, p. 1-22, 2015.

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 nov. 2015.

FIGUEROA, A. M. S. *O uso sistemático de analogias: Estudo de um modelo de ensino para o conceito de incompatibilidade sanguínea*. 2004. 130 f. Dissertação (Mestrado em Educação Tecnológica) - Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais, Belo Horizonte, 2004.

FLICK, U. *Uma introdução à pesquisa qualitativa*. 3. ed. Porto Alegre: Bookman, 2009.

FOGLE, T. Are genes units of inheritance? *Biology and Philosophy*, v. 5, p. 349-371, 1990.

FONSECA, E. G. S.; NAGEM, R. L. *Implicações da teoria de Vygotsky em processos de ensino-aprendizagem que envolvam a utilização de modelos, analogias e metáforas na construção e ressignificação de conhecimentos*. In: II SENEPT. CEFET-MG: Belo Horizonte, 2010.

FONSECA, J. J. S. *Metodologia de pesquisa científica*. Fortaleza: UECE, 2002. Apostila.

FREITAS, Felipe Vieira. *Smartscópio: Contribuições de um modelo análogo ao microscópio óptico para o ensino de Ciências e Biologias*. 2015. 196 f. Dissertação (Mestrado em Educação Tecnológica) - Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais, Belo Horizonte, 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.

GENTNER, D.; BOWDLE, B.; WOLFF, P.; BORONAT, C. Metaphor is like analogy. In Gentner, D., Holyoak, K.J., & Kokinov, B.N. (Eds.), *The analogical mind: Perspectives from cognitive science*, p. 199-253. Cambridge MA: MIT Press, 2001.

GERICKE, N. M.; HAGBERG, M. Definition of Historical Models of Gene Function and their Relation to Students' Understandings of Genetics. *Science & Education*, v. 16, p. 849-881, 2007.

GERICKE, N. M.; SANTOS, V. C.; JOAQUIM, L. M. & EL-HANI, C. N. Conceptual variation or Incoherence? Textbook discourse on genes in six countries. *Science & Education*, v. 23, p. 381-416, 2014.

GERSTEIN, M. B. et al. What is a gene, post-ENCODE? History and updated definition. *Genome Research*, v. 17, p. 669-681, 2007.

GILBERT, J. K.; BOULTER, C. J. *Stretching models too far*. Paper presented at the Annual Meeting of the American Education Research Association, San Francisco, p. 22-26, abr., 1995.

GILBERT, J.K. ; BOULTER, C.J. E R. ELMER. Positioning Models in Science Education and in Design and Technology Education. En J. K. Gilbert e C. J. Boulter (Eds.). *Developing Models in Science Education*. Dordrecht: Kluwer, p. 3-17, 2000.

GIL, Antônio Carlos. *Como elaborar projetos de pesquisa*. 4 ed. São Paulo: Atlas, 2002.

GLYNN, S. Explaining Science Concepts: A Teaching-with-Analogies Model. In: GLYNN, S.M.; YEANY, R.H.; BRITTON, B.K. (Eds.). *The Psychology of Learning Science*. New Jersey: Lawrence Erlbaum Associate, 1991, p. 219-240.

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.

GOUVEIA, C. P.; SADDI-ORTEGA, L.; NAGEM, R. L.; FERRY, A. S. Análise de uma atividade de ensino de Genética mediada por uma Analogia à luz da Teoria do Mapeamento Estrutural de Gentner. In: *Latin American Science Education Reserch Association (LASERA)*, 2015.

GOUVEIA, C. P.; SADDI-ORTEGA, L.; NAGEM, R. L. Identificação da diversidade de comparações sobre o DNA e seus respectivos propósitos didáticos em livros de biologia. V Seminário Nacional de Educação Tecnológica e Profissional (SENEPT) (Pôster), Belo Horizonte, 2017, maio.

GOUVEIA, C. P.; SADDI-ORTEGA, L.; NAGEM, R. L.; FERRY, A. S. XI Encontro Nacional de Pesquisa em Educação em Ciências (ENPEC) - Florianópolis, 2017.

GRIFFITHS, P. E.; NEUMANN-HELD, E. The Many Faces of the Gene. *BioScience*, 49, 656-662, 1999.

HOFFMANN, M. B. *Analogias e Metáforas no Ensino de Biologia: um Panorama da Produção Acadêmica Brasileira*. 2012. 190 f. Dissertação (Mestrado em Educação Científica e Tecnológica) - Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, 2012.

JOAQUIM, L. M.; EL-HANI, C.N. A genética em transformação: crise e revisão do conceito de gene. *Scientia e Studia*, São Paulo, v. 8, n. 1, p. 93-128, 2010.

JOHANNSEN, W. L. The genotype conception of heredity. *The American Naturalist*, 45(531), 129-159, 1911. In: SCHNEIDER et al., 2011.

JUSTI, R. Modelos e modelagem no ensino de química: um olhar sobre aspectos essenciais pouco discutidos. In: Dos Santos, WLP; *Ensino de química em foco*. Ijuí, Unijuí, 2010.

JUSTI, R. Relações entre argumentação e modelagem no contexto da ciência e do ensino de ciências. *Revista Ensaio*. Belo Horizonte, v.17, n. especial, p. 31-48, nov. 2015.

JUSTI, R.; GILBERT, J. K. Modelling, teachers' view on the nature of modelling, and implications for the education of modellers. *International Journal of Science Education*, v. 24, p. 369-387, 2002.

KAY, L. E. *Who wrote the book of life? A history of the genetic code*. Stanford, CA: Stanford, 2000.

KNIPPELS, M.P.J., WAARLO, A.J.; BOERSMA, K.T. Design criteria for learning and teaching genetics. *Journal of Biological Education*, v.39, n.3, p.108-112, 2005.

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 las Ciencias, p. 2114-2119, 2013.

MARCELOS, M. F.; NAGEM, R. L. Comparative Structural Models of Similarities and Differences between Vehicle and Target in Order to Teach Darwinian Evolution. *Science & Education* (Dordrecht), 2010.

MENDONÇA, P. C. C.; JUSTI, R. S.; OLIVEIRA, M. M. Analogias sobre ligações químicas elaboradas por estudantes do ensino médio. *Revista Brasileira de Pesquisa em Educação em Ciências*, v.6, n.1, jan./abr. 2006.

MEYER, L. M. N.; BOMFIM, G. C.; EL-HANI, C. N. How to understand the gene in the 21st Century. *Science & Education*, v. 22, n. 2, p. 345-374, fev., 2013.

MORGAN, T. H.; STURTEVANT, A. H.; MULLER, H. J.; BRIDGES, C. B. *The mechanism of mendelian heredity*. New York, NY: Henry Holt, 1915. In: ARAUJO & MARTINS, 2008.

MOSS, L. Deconstructing the gene and reconstructing molecular developmental systems. In S. Oyama, P. Griffiths,; R. Gray (Eds.), *Cycles of contingency: developmental systems and evolution*. Cambridge, MA: MIT Press, p. 85- 97, 2001.

MOSS, L. *What Genes Can't Do*. Cambridge-MA: MIT Press, 2003.

MOZZER, N. B.; JUSTI, R. “Nem tudo que reluz é ouro”: Uma discussão sobre analogias e outras similaridades e recursos utilizados no ensino de Ciências. *Revista Brasileira de Pesquisa em Educação em Ciências*, v. 15, n. 1, p. 123–147, 2015.

MURTA, Gláucia de Sousa. *Análise estrutural de analogias e outras comparações em livros didáticos de Biologia*. 2017. 92 f, Dissertação (Mestrado em Educação Tecnológica) - Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais, Belo Horizonte, 2017.

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.

NAGEM, R. L.; MARCELOS, M. F.. Analogias e metáforas no ensino de biologia: a árvore da vida nos livros didáticos. In: V ENPEC - *Encontro Nacional de Pesquisa em Educação em Ciências*, 2005, Bauru - SP. Anais - 5 ENPEC. Bauru - São Paulo: Edwaldo Lima da Silva e Sérgio Camargo, 2005. v. 1, p. 1-12.

NAGEM, R. L.; TEIXEIRA, R. C. C.; NUNES, S. M. L.; SILVA, V. C. E. O uso sistemático de analogias e modelos na educação afetivo-sexual: um instrumento para auxiliar o professor no processo de construção de aprendizagem significativa. In: VII ENPEC - *Encontro Nacional de Pesquisa em Educação em Ciências*, Campinas, 2011.

NEUMANN-HELD, E. The Gene is dead – Long live the gene: Conceptualizing genes the constructionist way. In P. Koslowski (Ed.). *Sociobiology and bioeconomics: The theory of evolution in biological and economic thinking*. Berlin: Springer, 1999, p. 105-137.

OMIM. Online Mendelian Inheritance in Man. Disponível em: <<https://omim.org>>. Acesso em: 29 ago. 2017.

PAGANINI, P.; JUSTI, R.; MOZZER, N. B. Mediadores na coconstrução do conhecimento de ciências em atividades de modelagem. *Ciênc. Educ.*, Bauru, v. 20, n. 4, p. 1019-1036, 2014.

PAIVA, A. L. B.; MARTINS, C. M. C. Concepções prévias de alunos de terceiro ano do Ensino Médio a respeito de temas na área de Genética. *Revista Ensaio*, Belo Horizonte, v. 7, n.03, p.182-201, set-dez, 2005.

PARDINI, M. I. M. C.; GUIMARÃES, R. C. A systemic concept of the gene. *Genetics and Molecular Biology*, v. 15, n. 4, p. 713-721, Out. 1992.

PATIÑO, L. C. *Visões sobre genes de pesquisadores em genética, biologia molecular e genômica em diferentes níveis de formação*. 2017. 94 f. Dissertação (Programa de Pós-Graduação em Ensino, Filosofia e História das Ciências) – Universidade Federal da Bahia, Salvador, 2017.

PEDREIRA, M. M.; RESENDE, T. A., OLIVEIRA, S. F. O.; KLAUTAU-GUIMARAES, M. N. tirinhas no ensino de genética: potencial para avaliação dos conhecimentos prévios sobre os genes . IX congresso internacional sobre investigación en didáctica de las ciencias Girona, p. 9-12, set. 2013.

PITOMBO, M. A.; ALMEIDA, A. M. R.; EL-HANI, C. N. Conceitos de gene e idéias sobre função gênica em livros didáticos de Biologia Celular e Molecular do Ensino Superior. *Contexto & Educação*. Editora Unijuí, ano 22, n. 77, Jan./Jun., p. 81, 2007.

PORTELA, E. D. *Possibilidades pedagógicas de uma comparação do corpo humano com uma orquestra musical: O que pensam professores de biologia?* 2017. 157 f. Dissertação (Mestrado em Educação Tecnológica) - Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais, Belo Horizonte, 2017.

RAVIOLO, A.. Modelos, analogías y metáforas en la enseñanza de la química. *Educación Química*, p. 55-60. 2009.

RAVIOLO, A.; AGUILAR, A.; RAMÍREZ, P.; LÓPEZ, E. Dos analogías en la enseñanza del concepto de modelo científico: Análisis de las observaciones de clase. *REIEC* v. 6, n.1, jul., 2011.

REZNIK [atual: GOLDBACH], T. O desenvolvimento do conceito de gene e sua apropriação nos livros didáticos de biologia. Dissertação de Mestrado, Fac. de Educação, UFF, Niterói, 1995.

SANTOS, V. C. *Genes, Informação e Semiose do conhecimento de referência ao ensino de biologia*. 2008. 198 f. Dissertação (Programa de Pós-Graduação em Ensino, Filosofia e História das Ciências) – Universidade Federal da Bahia, Salvador, 2008.

SANTOS, V. C.; EL-HANI, C. N. Idéias sobre genes em livros didáticos de biologia do ensino médio publicados no Brasil. *Revista Brasileira de Pesquisa em Educação em Ciências*, v. 9, n. 1, 2009.

SANTOS, V. C.; JOAQUIM, L. M.; EL-HANI, C. N. Hybrid deterministic views about genes in biology textbooks: a key problem in genetics teaching. *Science & Education*, v. 21, n. 4, p. 543-578, Apr. 2012.

SCHNEIDER, E. M.; JUSTINA, L. A. D.; ANDRADE, M. A. B. S., OLIVEIRA, T. B.; CALDEIRA, A. M. A.; MEGLHIORATTI, F. A. Conceitos de gene: Construção histórico-epistemológica e percepções de professores do ensino superior. *Investigações em Ensino de Ciências*, v. 16(2), p. 201-222. 2011.

SILVA, L. L. da; PIMENTEL, N. L.; TERRAZZAN, E. *As analogias na revista de divulgação científica Ciência hoje das crianças*. *Ciênc. educ. (Bauru)*, v.17, n.1, p. 163-181, 2011.

STOTZ, K.; GRIFFITHS, P. E.; KNIGHT, R. How biologists conceptualize genes: An empirical study. *Studies in the History and Philosophy of Biological & Biomedical Sciences*, v. 35, p. 647-673, 2004.

XAVIER, M.F.; FREIRE, A.S; MORAES, M.O. A nova (moderna) biologia e a genética nos livros didáticos de biologia no ensino médio. *Ciência e Educação*, v.12, p.275-289, 2006.

WEIGMANN, W. The code, the text and the language of God. EMBO reports – *European Molecular Biology Organization*, v. 5, p. 116-118, 2004.

ZAMBON, L. B.; TERRAZZAN, E. A.; Analogias produzidas por alunos do ensino médio em aulas de física. *Revista Brasileira de Ensino Física*. v. 35, n.1, p.1-5, 2013.

ZAMBONI, Graciela. De códigos e livros: a metáfora como estratégia no gênero da popularização da ciência. *Estudos linguísticos*. São Paulo, 38, v 3, p. 321-333, 2009.

## **APÊNDICES**

### **APÊNDICE A – Termo de consentimento livre e esclarecido**

## TERMO DE CONSENTIMENTO LIVRE E ESCLARECIDO

O (a) Sr. (a) está sendo convidado (a) como voluntário (a) a participar da pesquisa: *Análise de um modelo didático de genética mediado por analogia*. Neste estudo pretende-se analisar o que pensam professores de Biologia sobre um modelo didático baseado em analogia, e proposto para o ensino de genética no ensino médio, com a finalidade de compreender as potencialidades e limitações da analogia que estruturou o modelo.

Justifica a proposição deste estudo por entender que as analogias são recursos de mediação didática e que, portanto, as características que a estruturam interferem nos processos de ensino de aprendizagem dos estudantes. Esperamos que esta pesquisa possa contribuir no ensino de Ciências, especialmente no auxílio ao uso sistematizado das analogias e dos modelos analógicos utilizados no ensino de Genética.

A pesquisa será conduzida pela mestrandia Cristiane de Paula Gouveia, aluna do Mestrado em Educação Tecnológica do Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais (CEFET – MG), a quem o (a) Sr. (a) poderá contatar / consultar a qualquer momento, que julgar necessário, por meio do telefone (31) 98274-6500 ou e-mail: [cristianepgouveia.cris@gmail.com](mailto:cristianepgouveia.cris@gmail.com).

Para o desenvolvimento da pesquisa serão adotados os seguintes procedimentos: coleta de dados a ser realizada em dois momentos distintos. O primeiro momento corresponde à aplicação de um roteiro de atividades para que o participante compreenda o contexto de aplicação do modelo e possa estabelecer semelhanças e diferenças dessa comparação. O segundo momento pesquisa será constituído pela aplicação de questionário, baseado na escala likert. Ambos serão aplicados à professores de Biologia.

Para participar deste estudo você não terá nenhum custo, nem receberá qualquer vantagem financeira. Você será esclarecido (a) sobre o estudo, em qualquer aspecto que desejar, e poderá retirar seu consentimento ou interromper a participação a qualquer momento. Assim a sua participação é voluntária e a recusa em participar não acarretará qualquer penalidade ou modificação na forma em que será atendido pela mestrandia.

A mestrandia se compromete, desde já, a tratar a sua identidade com padrões profissionais de sigilo. Os resultados da pesquisa estarão à sua disposição quando finalizada. O seu nome ou o material que indique a sua participação não serão liberados sem a sua permissão. O (A) Sr. (a) não será identificado em nenhuma publicação que possa resultar do estudo.

Este termo de consentimento encontra-se impresso em duas vias, sendo que uma cópia será arquivada pela mestrandia, no Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais, e a outra será fornecida a você.

Caso haja danos decorrentes dos riscos previstos, a mestrandia assumirá a responsabilidade pelos mesmos.

Eu, \_\_\_\_\_, portador (a) do documento de Identidade \_\_\_\_\_ fui informado (a) dos objetivos do estudo “*Análise de um modelo didático de genética mediado por analogia*” de maneira clara e detalhada e esclareci minhas dúvidas. Sei que a qualquer momento poderei solicitar novas informações e modificar minha decisão de participar, se assim o desejar.

Declaro que concordo em participar desse estudo. Recebi uma cópia deste termo de consentimento livre e esclarecido e me foi dada a oportunidade de ler e esclarecer as minhas dúvidas.

Belo Horizonte, \_\_\_\_ de \_\_\_\_\_ de 2017.

\_\_\_\_\_  
Participante

\_\_\_\_\_  
Pesquisadora

## **APÊNDICE B – Roteiro de atividades**

## Roteiro de atividades

Nome: \_\_\_\_\_

1- Tente descobrir algumas características do meu rosto!!

Você receberá dois livros. Um livro tem o título de ovócito e foi feito pela minha mãe, e o outro livro tem título de espermatozoide e foi feito pelo meu pai. Os dois descrevem as características que eles passaram para mim, porém só algumas eu expressei. Você deverá decifrar algumas de características físicas verdadeiras e escrevê-las abaixo. Para ajudá-lo te darei uma dica: compare os dois livros, se houver alguma palavra com a letra maiúscula, a característica descrita irá sobressair sobre a minúscula.

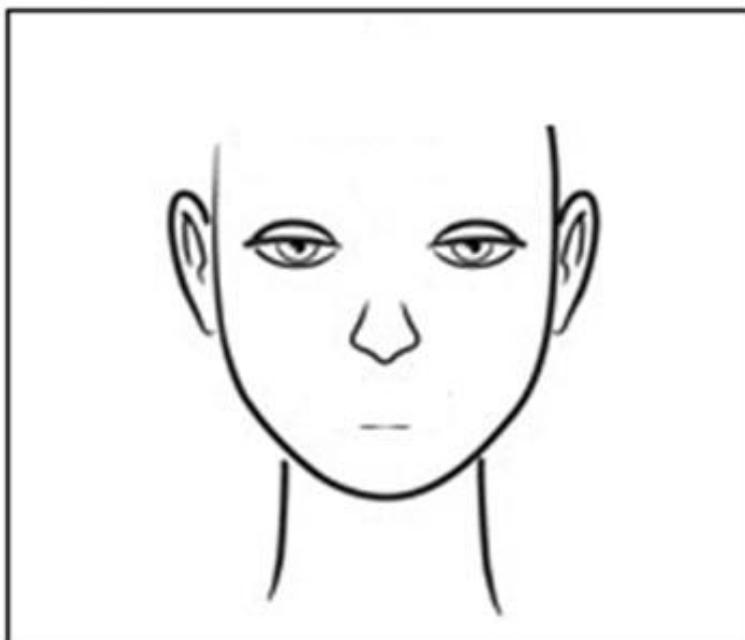
Queixo: \_\_\_\_\_ + \_\_\_\_\_ = \_\_\_\_\_

Tipo de cabelo: \_\_\_\_\_ + \_\_\_\_\_ = \_\_\_\_\_

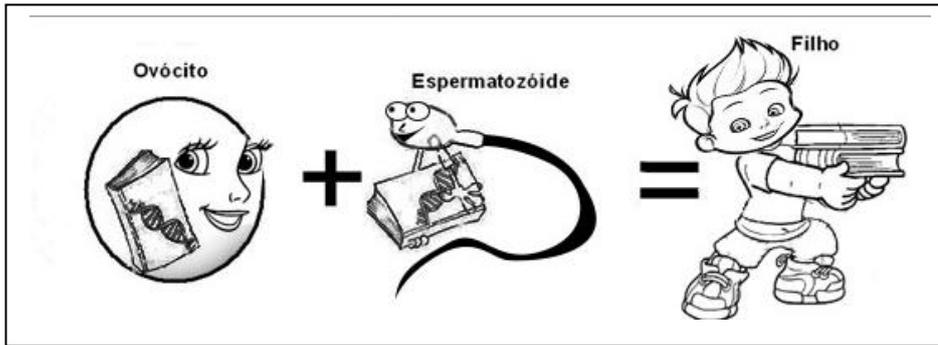
Sobrancelha: \_\_\_\_\_ + \_\_\_\_\_ = \_\_\_\_\_

Sardas: \_\_\_\_\_ + \_\_\_\_\_ = \_\_\_\_\_

Desenhe a face abaixo de acordo com o resultado final encontrado:



2 – Analise a figura abaixo e responda as questões:



Fonte: Produzido pelos autores.

a) O que você compreendeu da figura:

---

---

b) O **genótipo** conceitua-se como a **constituição genética** de cada pessoa, composto pelo material genético dos progenitores. O que representa o genótipo na figura?

---

c) O conceito de **fenótipo** está relacionado com as características morfológicas, fisiológicas e comportamentais dos indivíduos. Na figura o que representa o fenótipo? Escreva algumas características deste.

---

---

3:

**Cariótipo:** Fotomicrografia de cromossomos de uma célula de um indivíduo, recortada e organizada de maneira característica, visando ao diagnóstico de anomalias relacionadas ao número ou à morfologia de cromossomos.

Ao lado está representado um conjunto de pares de cromossomos, que se localizam no núcleo das células somáticas de nosso corpo. Na espécie humana, as células somáticas possuem 46 cromossomos, agrupados em 23 pares, sendo: 22 pares autossômicos e 01 par sexual, diferenciando o sexo biológico de um organismo em masculino e feminino.

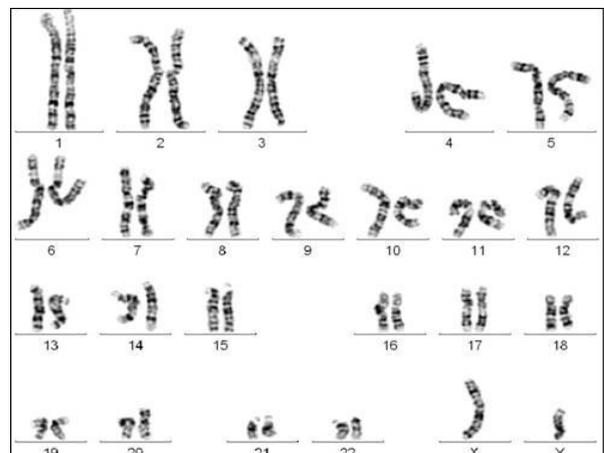


Fig.: <http://www.cialab.com/diagnosticoPrenatal.php>

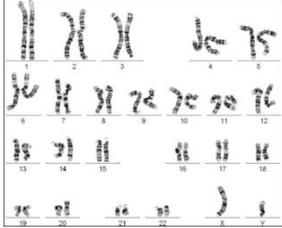
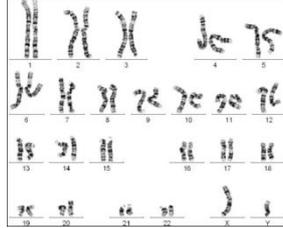
Relembre a questão 2 sobre a figura. Existe alguma relação entre os dois livros carregados pelo filho na charge e os cromossomos acima? Explique.

---



---

4: Aponte, no quadro abaixo, semelhanças e diferenças que você percebeu entre o livro *haploid-book* e o cariótipo humano:

SEMELHANÇAS		DIFERENÇAS	
<p><b>Haploid-book</b></p> 	<p><b>Cariótipo</b></p> 	<p><b>Haploid-book</b></p> 	<p><b>Cariótipo</b></p> 

5: Questão para refletir:

“Será que uma pessoa que possui genes ativos para o armazenamento excessivo de gordura necessariamente desenvolverá a obesidade? O conhecimento da constituição genética pode auxiliar na prevenção de doenças? Gêmeos univitelinos possuem personalidade e comportamentos iguais?”

6: Assim como o livro foi utilizado para explicar o conceito de DNA, você imagina outro modelo que também poderia ser utilizado para explicar o cariótipo?

---



---

## APÊNDICE C – Questionário

## Questionário

Nome: \_\_\_\_\_ Graduação: \_\_\_\_\_

( ) Licenciatura ( ) Bacharelado Área: \_\_\_\_\_ ( ) Ambos

Possui: ( ) Especialização (Área): \_\_\_\_\_

( ) Mestrado (Área): \_\_\_\_\_

( ) Doutorado (Área): \_\_\_\_\_

Você tem (teve) experiência com ensino de Genética? \_\_\_\_\_

A Instituição em que trabalhou no ensino de Biologia e/ou Ciências é pública ou privada?

( ) Pública ( ) Privada ( ) Ambos

O(s) Segmento(s) que atuou foi(ram):

( ) Fundamental ( ) Médio ( ) Superior

Quanto tempo de experiência na docência? \_\_\_\_\_

1- Desde que o termo gene foi introduzido vários significados têm sido atribuídos a este termo, como por exemplo, relacionados à herança, estrutura, função, dentre outros. Em cada letra abaixo está descrito um significado diferente ao termo gene, que poderia ser aplicado segundo objetivo e contexto didático. Considerando somente o *haploid-book* como material de ensino em genética, dentre as frases abaixo, **quais os conceitos de gene você considera que podem ser identificados e inferidos a partir deste modelo didático?**

- a) Um gene é unidade de herança, responsável pela transmissão e determinação dos caracteres.
- b) Os genes são partículas indivisíveis, dispostos no cromossomo, um seguido do outro como contas de um colar e responsável pela determinação de características.
- c) Um gene é uma sequência contínua de bases que codifica um único produto funcional (polipeptídeo ou RNA).
- d) O gene é um produtor ativo de enzimas.
- e) Um gene é uma estrutura informacional no DNA, portador de mensagens ou instruções para o desenvolvimento e o funcionamento orgânico.
- f) Um gene é um determinador de fenótipos ou diferenças fenotípicas.
- g) Um gene é um recurso para o desenvolvimento, lado a lado com outros recursos (epigenéticos, ambientais) igualmente importantes.
- h) Um gene é um processo que inclui sequências de DNA e outros componentes, que participam na expressão de um produto polipeptídico ou um RNA particular.

Outro: \_\_\_\_\_

2- Dentre os conceitos que você marcou na questão acima, qual você considera que sobressaiu no modelo didático *Haploid-book*? \_\_\_\_\_

3- Todas as afirmativas abaixo se referem a uma pesquisa de opinião em relação a uma comparação entre o *haploid-book* e o cariótipo humano. Indique os valores de 4 a 1, considerando suas percepções em relação às correspondências listadas a seguir, de acordo com a seguinte legenda e elabore comentários sobre as semelhanças e diferenças de cada item:

- (4) Concordo totalmente.
- (3) Concordo parcialmente.
- (2) Discordo parcialmente.
- (1) Discordo totalmente.

a) Os *haploid-books* (materno e paterno) apresentam informações escritas, já o **cariótipo humano** apresenta informações genéticas.

④ ③ ② ①

Comentário: \_\_\_\_\_

b) Um *haploid-book* é constituído por 23 páginas, assim como, um **gameta humano** é constituído por 23 moléculas de DNA.

④ ③ ② ①

Comentário: \_\_\_\_\_

c) A **união de dois *haploid-books***, composto cada um por **23 páginas**, apresenta um total de **46 páginas** assim como a **união de dois gametas**, cada um composto por **23 moléculas de DNA** apresenta um total de **46 moléculas de DNA (cromossomos)**.

④ ③ ② ①

Comentário: \_\_\_\_\_

d) As **páginas de mesma numeração** no *Haploid-book* paterno e no materno **são correspondentes**, ou seja, a página 1 do *haploid-book* paterno é correspondente a página 1 do *haploid-book* materno, assim como **as moléculas de DNA** provenientes do **gameta feminino e do masculino** que determinam as mesmas características **são homólogos**.

④ ③ ② ①

Comentário: \_\_\_\_\_

e) As **páginas** dos *haploid-books* (seja ele materno ou paterno) **contém frases**, já as **moléculas de DNA** dos gametas **contém genes**.

④ ③ ② ①

Comentário: \_\_\_\_\_

---

f) Como diferença alinhavel, antevisto, as páginas de cada *Haploid-book* **contém de 1 a 3 frases**, já as moléculas de DNA de cada **gameta contém inúmeros genes**.

④ ③ ② ①

Comentário: \_\_\_\_\_

---

g) Nos *haploid-books* as descrições em **letras maiúsculas sobressaem** sobre as descrições em letras **minúsculas**, semelhantemente, os **alelos dominantes sobressaem** sobre os alelos **recessivos**.

④ ③ ② ①

Comentário: \_\_\_\_\_

---

h) Quando as **descrições** do *haploid-book* materno e do *haploid-book* paterno são **iguais**, (exemplos, ambas maiúsculas ou ambas minúsculas) estas correspondem a alelos iguais, determinando um **genótipo homozigoto** para esta característica.

④ ③ ② ①

Comentário: \_\_\_\_\_

---

i) Quando as **descrições** do *haploid-book* materno e do *haploid-book* paterno são **diferentes**, estas correspondem a **alelos diferentes**, determinando um **genótipo heterozigoto** para esta característica.

④ ③ ② ①

Comentário: \_\_\_\_\_

---

j) No *haploid-book* somente a **informação descrita** é considerada para a **expressão da característica**, já o **fenótipo** é resultado da interação entre a **expressão genotípica e o meio ambiente**.

④ ③ ② ①

Comentário: \_\_\_\_\_

---

k) A **combinação aleatória** de diferentes *haploid-books*, proporcionam **características diferentes**, assim como a combinação aleatória de diferentes ovócitos e espermatozoides proporcionam **fenótipos diferentes**.

④ ③ ② ①

Comentário: \_\_\_\_\_

l) A **estruturação** de dois *haploid-books* (um paterno e um materno) é comparável à **estruturação** de um cariótipo.

④ ③ ② ①

Comentário: \_\_\_\_\_

4- Concordo que o modelo *Haploid-book* tem potencialidade para o ensino dos seguintes conceitos descritos abaixo (marque um x nas letras correspondentes):

	Potencialidades	Não concordo (Justifique)
a	Cromossomos de uma célula diploide (Cariótipo)	
b	Moléculas de DNA de uma célula haploide	
c	Gene com alelos iguais e diferentes	
d	Dominante e Recessivo	
e	Homozigoto e Heterozigoto	
f	Fenótipo	
g	Genótipo	
h	Homólogo	
i		
j		
k		
l		
m		
n		

5- Você percebeu conceitos que podem gerar conflitos ou erros na compreensão no modelo *Haploid-book*? Quais?

\_\_\_\_\_

\_\_\_\_\_

## **APÊNDICE D - Oficina**

## **OFICINA: Ensino de genética por meio do Modelo Analógico**

Cristiane de Paula Gouveia – Mestranda Educação Tecnológica CEFET/MG

Prof<sup>a</sup>. Camila Prospero – Docente EBTT CEFET/MG

Prof<sup>a</sup>. Leila Saddi Ortega – Docente EBTT CEFET/MG

**Programação da Oficina – Data 28/10/2017 - Sala 426 – 16:10 às 18:00 hs**

### **1º Momento:**

Apresentação dos docentes:

Nome, formação, instituição e segmento que atua e tempo de magistério. Importante também comentar o interesse pela temática desta oficina e expectativas.

### **2º momento:**

**Diálogos:** Como você leciona o conteúdo de conceitos básicos de genética? Utiliza recursos?

### **3º momento:**

Apresentação da proposta de um modelo analógico *Haploid Book* – Cristiane Gouveia

Reconhecimento do modelo analógico.

Trabalho com o modelo tendo como referência o roteiro de atividades com 04 questões

### **4º momento:**

**Diálogos:** percepções de cada professor, esclarecimento de dúvidas, discussão de ideias, compartilhamento de sugestões e críticas.

### **5º momento: Avaliação**

Prezado participante, seria muito importante sua contribuição para avaliação desta oficina para que possamos aprimorar esta vivência de grande importância para o ensino. Desta forma, pedimos que escreva, na tabela abaixo, suas percepções em relação a:

Quais as potencialidades deste modelo?	Quais os limites deste modelo?

Nome: \_\_\_\_\_

### **3º MOMENTO DA OFICINA**

#### 1- Tente descobrir algumas características!

Você receberá dois livros, um livro tem o título de ovócito e outro tem título de espermatozoide. Compare os dois livros para decifrar qual o resultado final de cada característica e escrevê-las abaixo:

a) Queixo: \_\_\_\_\_

b) Tipo de cabelo: \_\_\_\_\_

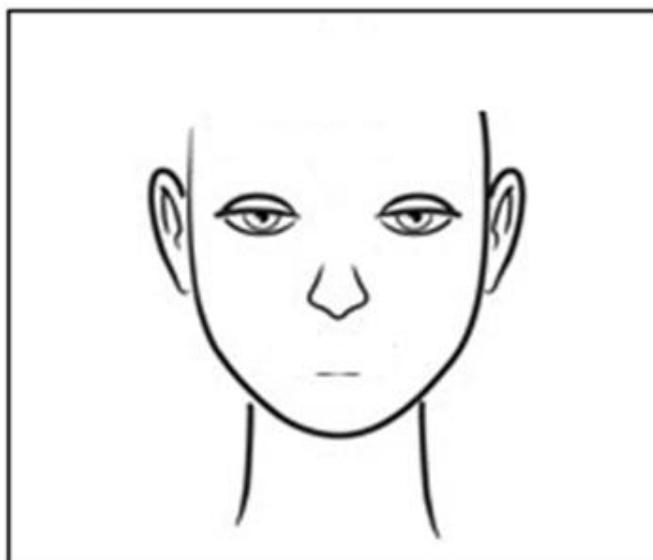
c) Sardas: \_\_\_\_\_

d) Separação da Sobancelha: \_\_\_\_\_

e) Grupo Sanguíneo: \_\_\_\_\_

f) Sexo Biológico: \_\_\_\_\_

Desenhe a face abaixo de acordo com o resultado final encontrado:



2- Para discutir: Quais os critérios você utilizou para decifrar as características do exercício 1?

3- Agora que vocês aprenderam a trabalhar com os livros, tentem descobrir qual dupla de livros (um espermatozoide e um ovócito) devem ser combinados para formar um indivíduo com o seguinte conjunto de características:

- Sexo Biológico: Masculino
- Sangue do Tipo: MN
- Habilidade Manual: Destro
- É capaz de Enrolar a língua
- Acondroplasia: Normal

Ovócito: \_\_\_\_\_ Espermatózoide: \_\_\_\_\_

4- Aponte, no quadro abaixo, semelhanças e diferenças que você percebeu entre o modelo *Haploid-book* e o genoma humano:

SEMELHANÇAS		DIFERENÇAS	
<i>Haploid-book</i>	Genoma	<i>Haploid-book</i>	Genoma

## **ANEXO**

### **ANEXO A- Artigo ENPEC (2017)**

## **“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?**

**GOUVEIA, Cristiane de Paula<sup>1</sup>; ORTEGA, Leila Saddi<sup>2</sup>; NAGEM, Ronaldo Luiz<sup>3</sup>; FERRY, Alexandre da Silva<sup>4</sup>**

Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais (CEFET-MG)

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 Gewandsznajder	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 nucleicos, 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 nucleicos. (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

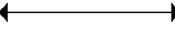
O idioma 2 é constituído pelas letras AUCG	$r_2 (E_4, E_2)$ 	O RNA é constituído pelos nucleotídeos Adenina, Uracila, Citosina e Guanina
Os idiomas 1 e 2 são equivalentes (“são os mesmos”)	$R_1 (r_1, r_2)$ 	O DNA e o RNA pertencem ao mesmo grupo de substâncias, os ácidos nucléicos.

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 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 las 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.

## **ANEXO B - Resumo SENEPT (2017)**

## **IDENTIFICAÇÃO DA DIVERSIDADE DE COMPARAÇÕES SOBRE O DNA E SEUS RESPECTIVOS PROPÓSITOS DIDÁTICOS EM LIVROS DE BIOLOGIA**

GOUVEIA, Cristiane de Paula

Mestranda do Programa de Pós-Graduação em Educação Tecnológica  
Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais – CEFET-MG

ORTEGA, Leila Saddi

Doutora em Ciências Biológicas com ênfase em Microbiologia, Professora Titular  
Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais – CEFET-MG

NAGEM, Ronaldo Luíz

Pós-Doutor em Educação em Ciências, Professor Titular  
Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais – CEFET-MG

### **RESUMO**

Esta pesquisa teve como objetivo identificar e descrever as analogias e outros tipos de comparações que foram utilizadas em livros didáticos de biologia a fim de perceber a diversidade de domínios bases relacionados ao Ácido Desoxirribonucléico (DNA) pelos autores de livros didáticos. Para isto, selecionamos seis coleções 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). Após leitura integral dos capítulos dedicados à caracterização do DNA, identificamos as comparações potencialmente analógicas e analisamos seu provável propósito didático de acordo com o contexto onde foi descrito a comparação. A análise dos livros didáticos indicou que todas as seis coleções continham alguma comparação baseada em metáfora ou analogia quanto às características do DNA, contudo alguns autores fizeram mais uso deste recurso do que outros. Na coleção, cujo código de identificação foi denominado F, foram encontrados mais de seis domínios bases distintos para o mesmo domínio alvo com comparações

potencialmente analógicas, enquanto que no livro E foi visualizada uma comparação relacionada à aparência do ácido nucléico. A comparação mais freqüente, utilizada por quatro coleções, foi a que relaciona o DNA a uma escada torcida; seguida da comparação que relaciona o ácido nucléico a uma receita. Esta última foi descrita em três coleções diferentes. Além destas, foram identificadas outras comparações potencialmente analógicas como: instrução, documento de identidade, impressão digital, diretor, código de barras, senha e blocos de construção, letras, palavras, frases, textos e idiomas. Com exceção de “impressão digital” que foi encontrado em duas coleções, as demais foram identificados em somente uma coleção. Os propósitos didáticos encontrados foram diversos e estavam relacionados à capacidade do DNA conter informações genéticas; a exclusividade do DNA; a codificação de informações genéticas e forma e constituição do DNA, dentre outros. Sobre a aparência do DNA os autores relacionaram estes à espiral de um caderno; fios barbantes longos emaranhados como um novelo; fios longos e finos; e o formato de um “X”. Este estudo permitiu identificar a diversidade e a frequência das comparações nas coleções didáticas e, com isso, perceber os vários significados apresentados pelos autores ao DNA.

**PALAVRAS-CHAVES:** livro didático; analogia; DNA, genética.

**ANEXO C - Artigo LASERA (2015)**



## Análise de uma atividade de ensino de Genética mediada por uma Analogia à luz da Teoria do Mapeamento Estrutural de Gentner

GOUVEIA, Cristiane de Paula; SADDI-ORTEGA, Leila; FERRY, Alexandre da Silva; NAGEM, Ronaldo Luiz

<sup>a</sup>Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais (CEFET-MG), Av. Amazonas 5253 - Nova Suíça - Belo Horizonte - MG - Brasil, CEP 30.421-169

### ARTICLE INFO

### ABSTRACT

**Recebido:** XX Mes 2015

**Aceito:** XX Mes 2015

**Disponível on-line:** XX Mes 2015

**Palavras chave:**

Genética

Ensino de Ciências

Analogia

**E-mail:**

[cristianepgouveia.cris@gmail.com](mailto:cristianepgouveia.cris@gmail.com)

[leilasaddiortega@gmail.com](mailto:leilasaddiortega@gmail.com)

[alexandreferry001@gmail.com](mailto:alexandreferry001@gmail.com)

[ronaldonagem@gmail.com](mailto:ronaldonagem@gmail.com)

ISSN 2007-9842

© 2014 Institute of Science Education.

All rights reserved

This article aims to analyze the possibilities and limitations of a didactic activity developed to the genetics teach to be based on comparative study according to the light of the structure-mapping theory propose by Dedre Gentner, in order to contribute to understanding of the use of the analogies in science teaching. In our bibliography revision we find studies dedicated to analyses of analogy in the education of Biology, but a few were took based in this theory. The use of analogies in the science education has showed itself one resource of common mediation in sharing of meanings in classroom, especially when the target domain is essentially complex and abstract. To obtain our objectives, we took like object of study one activity of education that was structured of a comparison potentially analogical. We did on structure-mapping of that comparison of our theoretical reference that allowed us analyze the possibilities and limitations of these activity of education. Through of this mapping we concluded that the proposed activity represent itself like one promising tool and consistent, in view of the nature of comparison analyzed predominately constituted much for relation of higher-order as relations first order. Also, we have also seen the theory that we utilized allowed us to realize the level of enrichment offered by this comparison to be explored in a science classroom, evidencing the sophistication of the analogy that structured the activity.

Este artigo tem por objetivo analisar as possibilidades e limitações de uma atividade didática desenvolvida para o ensino de Genética baseada em estudo comparativo, à luz da Teoria do Mapeamento Estrutural proposta por Dedre Gentner, a fim de contribuir para a compreensão do uso de analogias no ensino de Ciências. Em nossa revisão bibliográfica encontramos estudos dedicados à análise de analogias no ensino de Biologia, porém, poucos foram conduzidos com base nessa teoria. O uso de analogias no ensino de Ciências tem se mostrado um recurso de mediação comum no compartilhamento de significados em sala de aula, sobretudo, quando o domínio alvo é essencialmente complexo e abstrato. A fim de alcançar nossos objetivos, tomamos como objeto de estudo uma atividade de ensino que foi estruturada a partir de uma comparação potencialmente analógica. Fizemos um mapeamento estrutural dessa comparação a partir do nosso referencial teórico, que nos permitiu analisar as possibilidades e limitações dessa atividade de ensino. Através desse mapeamento concluímos que a atividade proposta se configura como um recurso didático promissor e consistente, tendo em vista a natureza da comparação analisada, predominantemente constituída tanto por relações de ordem superior quanto por relações de primeira ordem. Vimos também que a teoria que utilizamos nos permitiu perceber o nível de enriquecimento oferecido por esta comparação a ser explorada em uma sala de aula de Ciências, evidenciando a sofisticação da analogia que estruturou a atividade.

## I. INTRODUÇÃO

A genética tem sido considerada uma das áreas de difícil entendimento no Ensino da Biologia devido à sua complexidade de fenômenos e de conceitos. No Brasil, os tópicos da genética são ensinados somente na última série do ensino médio, contudo, mesmo em fase final de formação escolar, os alunos não conseguem incorporar de forma coerente e estável os conhecimentos assimilados ao longo da vida escolar, até mesmo porque os conceitos podem apresentar uma ampla variação nos materiais didáticos. Schneider et al. (2011) investigando os diferentes conceitos de genes na história da biologia verificaram uma variação nas definições de gene, com a predominância de ideias vinculadas ao estabelecimento do gene como unidade estrutural, funcional e/ou informacional. Em parte, as dificuldades observadas no processo de ensino-aprendizagem na área da Genética podem ser atribuídas à qualidade do material disponibilizado nos livros didáticos (XAVIER et al. 2006; VILAS BOAS, 2006) contudo, a maior dificuldade apresentada por alunos do ensino médio é a incapacidade de dominarem a significação clara e precisa dos conceitos básicos em genética.

Um exemplo dessa dificuldade foi relatado por Fabrício et al. (2006) na qual avaliaram os conhecimentos de 136 alunos, do 3º ano do ensino médio, de escolas públicas estaduais da região metropolitana da cidade de Recife, Pernambuco, sobre as leis de Mendel. Os autores verificaram que a maioria dos alunos entrevistados não soube definir gene e associar este às leis de Mendel. Além disto, a grande maioria relacionou as leis de Mendel somente com as letras que simbolicamente e didaticamente representam os genes durante a segregação na meiose (AA, Aa ou aa). De forma semelhante Scheid & Ferrari (2006) afirmam que a relação gene/cromossomo, bem como a finalidade dos processos de mitose e de meiose, não são compreendidos pelos estudantes ao final dos anos de escolaridade obrigatória.

Em pesquisa realizada com alunos do 3º ano do ensino médio, em que estes foram avaliados na sua capacidade de definir os conceitos, constantemente difundidos pela mídia, como DNA, ácido nucléico, clone, biotecnologia, transgênicos, engenharia genética e células-tronco, revelou a dificuldade dos alunos em saber o significado preciso, claro e correto de cada termo. Além disso, estes alunos apresentaram dificuldade na estruturação, correlação e a criação de uma linha de raciocínio que explicasse a relação entre estes conceitos. A maioria procurou respondê-las com o mínimo de palavras possíveis, e sem a utilização de um pensamento aprofundado do tema (REIS et al. 2010).

Neste contexto, percebe-se a necessidade de pesquisas sobre metodologias que objetivem sanar as dificuldades dos alunos quanto à compreensão conceitual dos conceitos básicos utilizados na genética. Um instrumento muito interessante para esta proposta de ensino alternativo e construtivo é o uso de metáforas e analogias para o ensino em sala de aula. Vários autores têm acentuado a importância das analogias como uma ferramenta valiosa no ensino e aprendizagem das ciências, especialmente de conceitos com maior grau de dificuldade. 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; FIGUEROA et al. 2004).

A proposta de Metodologia de Ensino com Analogias (MECA) foi descrita por Nagem *et al* em 2001. A MECA tem como objetivos viabilizar o estabelecimento, pelo professor, de conexões entre analogias e mudanças conceituais, com vistas à busca de uma concepção epistemológica e à definição de ações de natureza didática. Esta metodologia permite, ainda, auxiliar o professor e o aluno no processo de construção da aprendizagem interativa, para apropriação de conteúdos e conceitos significativos.

Nas últimas décadas o crescimento do interesse de pesquisadores em Educação em Ciências pelo papel e uso de analogias no ensino de conceitos científicos tem sido considerável, inclusive no âmbito internacional (GLYNN, 1991; HARRISON & TREAGUST, 1993; VENVILLE & TREAGUST, 1996; WILBERS & DUIT, 2001; NAGEM et al. 2001; MOZZER & JUSTI, 2013). Entre os trabalhos de abrangência internacional de maior relevância, seja no campo da Psicologia Cognitiva ou no da Educação em Ciências, são os de Dendre Gentner e seus colaboradores. Esses trabalhos têm como referencial teórico a Teoria do Mapeamento Estrutural (*Structure-mapping theory*) das analogias, publicado no início da década de 1980 (GENTNER, 1983).

A revisão feita por Duarte (2005) destaca a publicação de um número temático da revista *Journal of Research On Science Teaching*, publicado em 1993, com o título *Special Issue: The Role of Analogy in Science and Science Teaching*. Duarte afirma que os trabalhos publicados neste número temático se orientam para enfoques diversos sobre a utilização das analogias e podem ser agrupados em quatro diferentes linhas de investigação: (1ª) utilização e exploração didática de analogias; (2ª) características das analogias em manuais escolares; (3ª) presença das analogias na prática dos professores de Ciências; (4ª) concepções de professores sobre o papel das analogias no processo de ensino-aprendizagem.

Dentre essas quatro linhas de investigação, o presente trabalho se orienta para o terceiro enfoque, isto é, o da presença das analogias na prática dos professores de Ciências. Desta forma, pretendemos, a partir da Teoria do Mapeamento Estrutural de Gentner (GENTNER, 1983; GENTNER & MARKMAN, 1997) analisar as possibilidades e limitações de uma atividade, desenvolvida para o ensino de genética e estruturada a partir de uma comparação potencialmente analógica, a fim de contribuir para a compreensão do uso de analogias no ensino de ciências.

### ***Nosso objeto de estudo: atividade didática para o ensino de Genética***

O nosso objeto de estudo neste trabalho de pesquisa consistiu em uma atividade didática, mediada por uma analogia, para o ensino de conceitos de genética. Esta atividade foi desenvolvida por um dos autores deste trabalho na ocasião de uma disciplina oferecida no curso de Mestrado em Educação Tecnológica do Centro Federal de Educação de Minas Gerais (CEFET-MG).

Como sabemos, na espécie humana, a formação de um novo indivíduo ocorre após a união do gameta feminino, o ovócito, com o gameta masculino, o espermatozóide, gerando a célula ovo ou zigoto. Esta nova célula formada conterá os cariótipos provenientes dos dois núcleos gaméticos, conjuntamente. O zigoto passará por processos sucessivos de clivagens e de diferenciação até a formação de um novo indivíduo. Este terá, portanto, em todas as suas células os cariótipos dos dois progenitores.

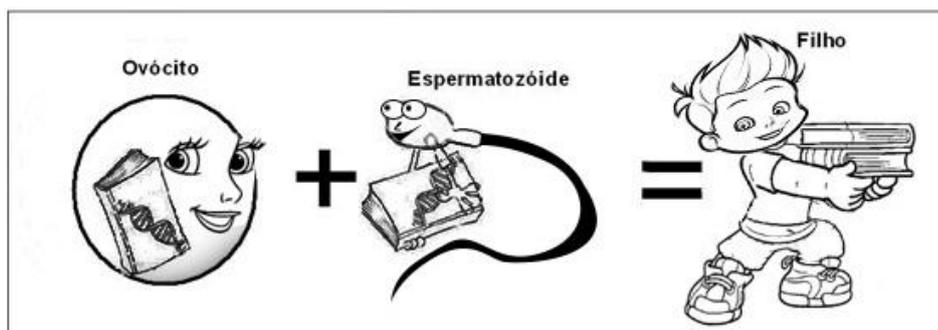
Para fins didáticos, a atividade propunha que algumas questões deveriam ser levantadas para os alunos, saber:

(i) *Como é possível apresentar aos alunos que o material genético do novo indivíduo será um mosaico de cromossomos e genes que podem se expressar ou não.*

(ii) *Qual informação genética determinará as características fenotípicas do novo indivíduo, aquelas herdadas do pai ou as da mãe?*

(iii) *Todos os genes maternos e paternos são, necessariamente, expressos em características biológicas no novo indivíduo?*

Estes questionamentos conduziram a elaboração de pares de livros, aqui chamados de *Haploid-books*, e um roteiro de atividades baseados na metodologia de ensino com analogias (MECA) proposta por Nagem et al. (2001). Esta proposta de atividade didática pode ser dividida em quatro partes principais. Inicia-se pela análise das informações presentes na charge abaixo, de forma a introduzir os conceitos de gametas, haploidia, diploidia, carga ou constituição genética. Nesta Charge, ilustrativa da atividade 1, estão representados os dois gametas humanos: o feminino denominado ovócito e o masculino denominado espermatozóide, sendo que cada um destes contém seu conjunto de cromossomos simbolizado por um livro (célula haplóide contendo 23 cromossomos). Na reprodução humana, em face da formação de um novo indivíduo (filho), ocorrerá a união dos dois livros (gametas), pelo processo de fecundação, e o filho terá a sua constituição genética formada pela mistura dos cariótipos materno e paterno (dois livros), sendo, portanto, um indivíduo diplóide com 46 cromossomos em todas as células do corpo.



**FIGURA 1:** Ilustração da atividade 1 indicando gametas humanos feminino (ovócito) e masculino (espermatozóide), cujos núcleos apresentam o cariótipo, simbolizado por livros (cariótipo haplóide). A união dos dois cariótipos (livros) formará um novo indivíduo (filho), cuja constituição genética conterá a mistura dos cariótipos materno e paterno (dois livros).

Em um segundo momento, os alunos deveriam ser apresentados aos livros que compõem a charge, este livro foi denominado *Haploid-book*. Os livros ou *Haploid-books* foram modelados de forma a conter 23 páginas, correspondendo aos 23 cromossomos e, em cada página, ocorre à descrição de alguns genes, como aqueles para determinação do tipo sanguíneo, para cor dos olhos e dos cabelos, para determinação do sexo, dentre outros. Ao todo foram construídos seis tipos diferentes de *Haploid-book*, três azuis (masculinos) e três rosas (femininos), sendo que cada exemplar apresenta variações alélicas para cada gene. Esta variação faz parte da proposta de

evidenciar a diversidade genética presente na espécie, reforçando as diferentes possibilidades de formação dos genes, pela união aleatória de gametas distintos. Após o contato com o *Haploid-book* e a explicação de seu funcionamento pelo professor, os discentes são instigados a responder uma charada: ao unir dois livros, estes terão que descobrir as características fenotípicas resultantes de um indivíduo, tendo como base as versões descritivas no *Haploid-book pink* (ovócito) e *Haploid-book blue* (espermatozóide). Devido à presença de variações alélicas, os alunos encontrarão resultados fenotípicos diferentes, dependendo da combinação dos *Haploid-books*, distribuídos aleatoriamente. Neste exercício os estudantes deveriam reconhecer que o cariótipo humano de célula reprodutiva (gameta) é haplóide e constituído por 23 cromossomos, a formação de um novo ser, pela união dos gametas para gerar um ser diplóide (presença de 46 cromossomos), a formação dos pares de homólogos, a localização dos genes em cada cromossomo e a presença de variações alélicas. Além disso, a partir da análise de cada *locus* alélico, descrito por letras maiúsculas ou minúsculas, o aluno poderia determinar, para cada gene, se o fenótipo do filho será dominante ou recessivo.

Em um terceiro momento da atividade, após a introdução do objeto de estudo - o *Haploid-book* – discute-se conceitos como cromossomos, genes, homozigose, heterozigose, alelo e cariótipo. Os exercícios foram elaborados de forma que os alunos pudessem começar a estabelecer correlações entre o DNA e o *Haploid-book*.

Na quarta parte da atividade, propõe-se que os estudantes, juntamente com os professores, construam um perfil de comparação entre o *Haploid-book* e o cariótipo, estimulando a compreensão dos dois domínios e refletindo sobre a aprendizagem do conteúdo. Ao final, o aluno deveria ser apresentado a um exercício que o desafiasse a construir novas analogias envolvendo o mesmo tema.

### ***Dificuldades presentes na Aprendizagem de Conceitos Genéticos em escolas de Ensino Básico***

Alguns trabalhos descrevem pesquisas já realizadas sobre dificuldades presentes na aprendizagem de conceitos de genética em escolas básicas e foram descritos por Banet & Ayuso (1995), Lewis & Wood-Robinson (2000), Silveira & Amabis (2003) e Pedrancini *et al* (2007).

Um dos objetivos definidos por Banet & Ayuso (1995) foi a busca pelas concepções prévias dos alunos que pela primeira vez entram em contato com o ensino formal de Genética. A partir das explicações espontâneas dos alunos, os autores puderam observar que existe uma concepção anômala e predominante entre o grupo de alunos. Estes responderam que apenas os gametas contêm todas as informações hereditárias do ser humano. Para estes alunos, as células somáticas contêm apenas as informações necessárias à sua função específica. Ao comparar estes dados com os obtidos com alunos próximos do término do ensino formal de Genética, os autores puderam observar a conservação das concepções pseudo-científicas, o que pode ser causado pelo não relacionamento dos conceitos de divisão celular com os de transmissão de características hereditárias.

A relação entre cromossomos, genes e a informação hereditária também não é clara para os estudantes avaliados na pesquisa de Lewis & Wood-Robinson (2000). Os autores pesquisaram alunos em fase final da educação científica obrigatória, na Inglaterra, e verificaram que, para estes alunos, os genes são maiores que os cromossomos, que a função dos cromossomos e dos genes é semelhante e que, muitos acreditavam que alguns organismos poderiam conter cromossomos sem conter informação genética (genes). Além da confusão relacionada a estas estruturas, considerando sinônimos os termos cromossomo/gene e célula/gene. À semelhança do encontrado por Banet & Ayuso (1995), os alunos acreditam que as células que possuem o material genético se localizam no sangue e no sistema reprodutivo – geralmente no masculino.

Silveira & Amabis (2003) também verificaram dificuldades presentes na aprendizagem de Conceitos de Genética em escolas básicas. Estes autores, objetivando compreender como os estudantes relacionam os conceitos de localização e organização do material genético, realizaram uma pesquisa utilizando questionários e entrevistas semi-estruturadas para avaliar alunos de seis diferentes escolas da grande São Paulo (SP/ Brasil), sendo três públicas e três particulares. Nesta pesquisa, o mapa de conceitos foi elaborado levando-se em conta as relações entre os conceitos básicos envolvidos com herança genética (DNA, alelo, gene, cromossomo, células, fenótipo e genótipo), processos de divisão celular (mitose e meiose) e padrões de herança (segregação e segregação independente). Os resultados deste trabalho revelaram que os alunos que finalizam o Ensino Médio compartilham algumas relações conceituais válidas como “os gametas possuem cromossomos e genes”. Além disso, conseguem reconhecer o cromossomo em um desenho esquemático de célula. Contudo, algumas relações conceituais, no entanto, não são compartilhadas por esses mesmos alunos, pois muitos não compreendem que todas as células possuem informação genética.

Pedrancini *et al* (2007) refletiram como o ensino escolar vem contribuindo pouco para que o aluno desenvolva uma compreensão diferente daquela adquirida em situações não escolares. Em sua pesquisa, os autores investigaram o que os alunos do 3º ano do ensino médio sabiam sobre os conceitos e fenômenos biológicos e o que pensam sobre os organismos transgênicos. Os dados para a análise, deste trabalho, foram obtidos por meio de

entrevistas realizadas com estudantes de escolas estaduais e particulares da região Noroeste do Estado do Paraná, Brasil. A análise qualitativa dos resultados mostrou que os alunos tiveram dificuldades em responder quais são os componentes que constituem uma célula. Muitos consideraram os cromossomos como células, tiveram dificuldades em apontar a localização do DNA na célula e a grande maioria não soube dizer que os genes estão localizados no DNA. Os posicionamentos sobre transgênicos revelaram tratar-se de concepções intuitivas, grandemente influenciadas pela mídia, porém, na maioria das vezes, desprovidas do saber científico vivenciado no ambiente escolar.

### ***Pesquisas sobre o ensino de Genética utilizando modelos, analogias ou metáforas***

A utilização de modelos didáticos, metáforas e analogias têm sido apontados por diferentes autores (TEMP & BARTHOLOMEI-SANTOS, 2013; BRAGA, 2010; MAESTRELLI & FERRARI, 2006; PEDROSO & AMORIM, 2009; KALAMAR & MACHADO, 2014; TERRAZZAN et al. 2003; ANDRADE & FERRARI, 2002) como recurso de mediação comum no compartilhamento de significados em sala de aula, sobretudo, quando o domínio alvo é essencialmente complexo e abstrato.

Em estudo realizado sobre a eficácia de um modelo didático na aprendizagem da correlação genótipo-fenótipo, utilizando abordagem qualitativa e quantitativa (LUDKE & ANDRÉ, 1986 apud TEMP & BARTHOLOMEI-SANTOS, 2013), realizada por meio de pré e pós-testes, constatou que os modelos auxiliam na aprendizagem, sendo eficazes quando os conteúdos são abstratos e exigem uma capacidade de imaginação. Além disso, proporcionam uma dinâmica diferente em sala de aula e favorecem aos alunos a observação, troca de informações e discussão de conceitos aprendidos, muitas vezes, mecanicamente (TEMP & BARTHOLOMEI-SANTOS, 2013). Em trabalho similar, fazendo uso de modelos e modelagens para a compreensão dos mecanismos de herança biológica, Braga (2010) por meio do modelo de organização instrucional elaborado por Moreira (2006) e fundamentada na teoria da aprendizagem significativa, analisou dados obtidos a partir de filmagens de aulas, aplicação de pré e pós-teste e realização de entrevistas semi-estruturadas com alunos do grupo de foco. Como resultado percebeu uma melhora na compreensão dos conteúdos propostos e maior envolvimento dos alunos com o conteúdo. No entanto, pondera a importância de que o professor alerte que os modelos são recursos aproximativos e não como realidades.

Segundo Maestrelli & Ferrari (2006) as analogias podem ser úteis por trazerem um problema desconhecido para uma situação cotidiana, o que facilita o raciocínio. Os pesquisadores discutiram temas de genética com os estudantes, em seguida assistiram ao filme “O óleo de Lorenzo” e responderam um questionário aberto. Para explicação da doença a seguinte analogia foi citada no filme: a pia seria o organismo de Lorenzo, por uma das torneiras "entram" no organismo os ácidos graxos provenientes da dieta, pela outra "entram" os ácidos graxos provenientes da biossíntese. O ralo da pia representa a enzima que degrada essas gorduras, e que está ausente na pessoa com ALD. Augusto Odone, personagem do filme, também utiliza modelos, os cliques de papel para representar os mecanismos de biossíntese e degradação das cadeias de ácidos graxos. Como resultado, os pesquisadores observaram que os alunos descrevem de maneira correta tanto a analogia quanto o modelo empregado por Augusto. No entanto, apesar de Augusto ter utilizado essa estratégia para melhor entender o problema e, posteriormente, poder propor uma forma de tratamento para a doença, poucos alunos reconhecem que analogias e modelos são úteis para os próprios pesquisadores.

Pedroso & Amorim (2009) seguindo o modelo Teaching with Analogies (GLYNN, 1991; HARRISON & TREAGUST, 1993) elaboraram uma atividade didática, em que compararam dois prédios vizinhos (com mesma planta arquitetônica) e um par de cromossomos homólogos. O objetivo foi a construção de conceitos básicos da genética como cromossomos homólogos, genes, *locus* gênico, genes alelos, homozigotos e heterozigotos. Verificou-se que 58% dos alunos (7 em 12), compreenderam os conceitos alvo, porém nenhum aluno conseguiu propor diferenças, no quadro de comparações (passo 5) entre o análogo e o alvo.

As analogias e metáforas para o ensino da genética também estão presentes em livros didáticos (KALAMAR & MACHADO, 2014; TERRAZZAN et al. 2003). Em levantamento e análise de oito coleções de biologia aprovados pelo plano nacional do livro didático (PNLD) 2012, Kalamar & Machado

(2014) encontraram um total de 42 analogias para o tema Genética. A explicação para este número elevado foi devido ao fato de a genética ser um conteúdo complexo. Contudo, apesar da disciplina exigir maior abstração para ser compreendida e necessitar que as analogias sejam mais explicativas ou mais minuciosas, a maior porcentagem, 69,4%, de analogias foram classificadas como do tipo simples, ou seja, que não fazem o mapeamento dos atributos entre o domínio alvo e o análogo. Terrazzan et al. (2003) encontrou dados preocupantes ao analisar a ocorrência de analogias em quatro Coleções Didáticas de Biologia para o Ensino Médio. O resultado desta análise, realizada segundo o modelo TWA, foi que a maioria das analogias é apresentada restringindo-se somente a uma citação do alvo e do análogo, e deixa que os leitores façam, subjetivamente, as correspondências entre os dois, o que pode tornar-se um problema se forem estabelecidas relações equivocadas ou incorretas.

Andrade & Ferrari (2002) alertam sobre uso de analogias e metáforas, pois, em geral, não parece haver preocupação com a forma de abordagem dessas analogias, ou seja, não se consegue estabelecer se as apresentações obedecem a uma abordagem sistematizada. Neste mesmo trabalho, o nome de Gaston Bachelard foi citado como um dos autores que mais alertou para os perigos da má utilização de analogias e metáforas no ensino da ciência. Diversos problemas, portanto, podem derivar da utilização de forma equivocada ou pela falta de sistematização para o uso de analogias e metáforas no ensino de ciências.

Percebe-se, que as metodologias propostas nos trabalhos, como os pré e pós-testes e entrevistas, visam a identificação qualitativa e/ou quantitativa do entendimento das analogias pelos alunos. Contudo, os trabalhos não mencionam sobre o planejamento do uso da analogia e a diferenciação de analogias em comparações de mera-aparência ou similaridade literal. Esta importante distinção entre atributos e relações também não foi identificada no modelo Teaching with Analogies (GLYNN, 1991; HARRISON & TREAGUST, 1993).

Por isso, apesar das valiosas contribuições no ensino pelos trabalhos apresentados, observou-se que nenhum destes mencionados utilizou uma abordagem metodológica que permitisse distinguir atributos e relações, e ainda analisasse todas as possíveis correspondências entre relações do veículo (domínio base) e do alvo, como o mapeamento estrutural proposto por Gentner (1983) para a análise de analogias em sala de aula. Entendemos que a produção deste mapeamento estrutural é fundamental para compreendermos a respeito da complexidade da construção de analogias em sala de aula de Ciências.

## II. REFERENCIAL TEÓRICO

Em nosso grupo de pesquisa, AMTEC (Analogias e Metáforas na Tecnologia, na Educação e na Ciência) temos adotado a Teoria do Mapeamento Estrutural de Gentner (1983). De acordo com essa teoria, entendemos que uma analogia consiste em um tipo de comparação que envolve um *mapeamento de similaridades entre relações* existentes entre objetos ou atributos desses objetos pertencentes a cada um dos dois domínios comparados – um domínio desconhecido, alvo da compreensão, e um domínio conhecido (base), familiar ao interlocutor da comunicação.

A partir dessa teoria, nós entendemos que toda comparação estabelece correspondências entre dois domínios de conhecimento: o domínio base ou familiar, que serve de fonte de conhecimentos, e o domínio alvo cuja compreensão constitui o motivo da comparação. Gentner (1983) distingue as analogias de outros dois tipos de comparação chamadas *similaridades de mera aparência* e *similaridades literais*. A distinção leva em consideração o tipo de correspondências estabelecidas entre os domínios base e alvo. Nas similaridades de mera aparência, há correspondências apenas entre atributos dos objetos que pertencem a cada domínio (tais como a forma, a cor, o tamanho). Nas similaridades literais, os atributos dos objetos que pertencem ao domínio fonte ainda devem corresponder a atributos de objetos que pertencem ao domínio alvo. Contudo, também deve haver correspondências entre relações existentes entre os objetos do domínio base e as relações existentes entre os objetos do domínio alvo (tais como relações de hierarquia, oposição e proporcionalidade). No caso das analogias, as correspondências são estabelecidas, exclusiva ou predominantemente, entre relações (MOZZER & JUSTI, 2013).

Gentner atribui às analogias um papel cognitivo superior. Para a autora as comparações por similaridade literal ou por mera aparência podem ser atraentes e úteis localmente, mas possuem um poder explicativo limitado. Em uma analogia não interessa a quantidade de correspondências entre os objetos ou

entre os atributos dos objetos presentes nos dois domínios. Ao invés disso, relações estruturais identificadas entre os elementos do domínio base devem corresponder a relações estruturais que são atribuídas aos elementos do domínio alvo. As semelhanças superficiais entre os dois domínios não têm importância. Uma analogia serve para destacar correspondências entre relações (GENTNER, 1983).

### **Mapeamento Estrutural**

A Teoria do Mapeamento Estrutural foi inicialmente proposta por Gentner, em 1983. Ela nasceu no campo da Psicologia Cognitiva. Recentemente, essa teoria tem apresentado desdobramentos no campo da Educação em Ciências. No Brasil, há trabalhos que também a têm adotado como um referencial teórico, como o de Mozzer & Justi (2013).

Em um trabalho posterior a essa publicação, Gentner & Markman (1997) apresentam de forma mais sistemática as diferenças entre as comparações analógicas e as comparações por similaridade literal. Nesse contexto, os autores fazem considerações mais pontuais a respeito da teoria do mapeamento estrutural das comparações. Segundo os autores, para “capturar” o processo da analogia, é necessário fazer suposições não somente a respeito dos processos de comparação, mas também sobre a natureza das representações cognitivas conceituais e sobre como essas representações e processos interagem. A partir dessa consideração, os autores afirmam que, portanto, “é necessário que tenhamos um sistema representacional que seja suficientemente explícito sobre a estrutura relacional para expressar as dependências causais que se correspondem nos domínios” (p. 47).

No seu texto inicial, Gentner (1983) apresenta a estrutura do mapeamento das correspondências entre os domínios com o seguinte padrão de representação:

$$[A(b_i)] \rightarrow [A(t_i)] \quad (1)$$

A expressão 1 representa uma correspondência entre atributos, isto é, entre um atributo (A) de algum elemento ou objeto do domínio base ( $b_i$ ) para um atributo de algum elemento ou objeto do domínio alvo ( $target - t_i$ ).

A expressão 2, semelhantemente, representa uma correspondência entre relações de primeira ordem.

$$[R(b_i, b_j)] \rightarrow [R(t_i, t_j)] \quad (2)$$

Nessa segunda expressão, haveria uma correspondência entre uma relação entre os objetos  $b_i$  e  $b_j$ , pertencentes ao domínio base, e uma relação entre os objetos  $t_i$  e  $t_j$  do domínio alvo. Por se tratar de uma relação entre objetos, ou até mesmo entre atributos desses objetos, esse tipo de combinação é entendida como uma correspondência entre relações de primeira ordem. Já a expressão 3 representa outro tipo de correspondência:

$$R'(R_1(b_i, b_j), R_2(b_k, b_l)) \rightarrow [R'(R_1(t_i, t_j), R_2(t_k, t_l))] \quad (3)$$

Nessa terceira expressão, dizemos que  $R'$  representa uma relação entre relações, isto é, uma relação entre as relações estruturais  $R_1$  e  $R_2$ . Portanto, de acordo com a teoria,  $R'$  de cada domínio é entendida como uma relação de ordem superior.

Além desses aspectos fundamentais da teoria, Gentner & Markman (1997) descrevem ainda três restrições psicológicas no alinhamento estrutural de uma analogia:

1) *Consistência estrutural*: uma analogia deve ser estruturalmente consistente, ou seja, deve haver uma conectividade em paralelo e uma correspondência “um a um”. Essa conectividade em paralelo requer que as relações correspondentes possuam argumentos correspondentes, e a correspondência um a um limita qualquer elemento em um domínio a no máximo um elemento correspondente no outro domínio.

2) *Foco relacional*: uma analogia deve envolver relações comuns, mas não precisa envolver descrições de objetos em comum; isto é, o foco de uma analogia deve estar nas relações, e não nos atributos dos objetos de cada domínio comparado.

3) *Sistematicidade*: o “princípio da sistematicidade” de uma analogia diz respeito a uma “preferência tácita por coerência e poder preditivo causal no processamento analógico” (GENTNER & MARKMAN, 1997, p. 47). Segundo os autores, as pessoas preferem mapear sistemas de relações conectados e governados por relações de ordem superior (relações entre relações), com importação inferencial, ao invés de mapear predicados (atributos ou relações de primeira ordem) isolados. Ainda segundo os autores, “um conjunto combinado (*a matching set*) de relações interconectadas por relações

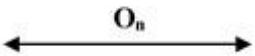
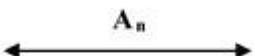
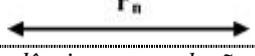
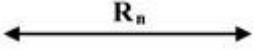
restritivas de ordem superior perfaz uma combinação analógica melhor do que um igual número de relações desconectadas entre si” (p. 47).

### III. METODOLOGIA

A partir dessas considerações teóricas e da representação inicialmente proposta por Gentner (1983) para as correspondências entre os domínios comparados, optamos por um padrão representacional mais simples e mais explícito das entidades (objetos, atributos ou relações) em correspondência. Propusemos a mapear estruturalmente os objetos, os atributos dos objetos e as relações entre esses atributos (ou entre os próprios objetos) por meio de um esquema explicitamente codificado. Nesse esquema, decidimos representar as correspondências entre os objetos de cada domínio por setas bidirecionais acompanhadas pela letra O (maiúscula), identificada por um número de ordem. As correspondências entre os atributos desses objetos também foram representadas por setas bidirecionais, acompanhadas, porém, pela letra A, com um número de ordem e endereçada ao objeto diretamente relacionado. Esse padrão representacional decorre da seguinte afirmação dos autores: “necessitamos de um esquema representacional capaz de expressar não somente objetos, mas também as relações e ligações que existem entre eles, como relações causais” (GENTNER & MARKMAN, 1997, p. 46).

As relações foram representadas pelo mesmo sinal gráfico, acompanhadas pela letra r (minúscula) ou R (maiúscula). A letra minúscula representa uma relação de primeira ordem, enquanto a maiúscula representa uma relação de ordem superior. A tabela I apresenta esse padrão de representação do mapeamento estrutural elaborado para a análise das comparações encontradas nos livros didáticos.

**TABELA I** – Padrão de representação das correspondências estruturais no mapeamento das similaridades envolvidas numa comparação.

DOMÍNIO BASE	REPRESENTAÇÃO DAS CORRESPONDÊNCIAS	DOMÍNIO ALVO
<b>Objeto análogo</b>		<b>Objeto alvo</b>
Um dos elementos que compõem o DB	<i>Correspondências entre objetos serão representadas por uma seta bidirecional acompanhada da letra O</i>	Um dos elementos que compõem o DA
<b>Atributos do objeto</b>		<b>Atributos do objeto</b>
Predicados de um objeto do DB baseados em uma única característica	<i>Correspondências entre atributos serão representadas por uma seta bidirecional acompanhada da letra A</i>	Predicados de um objeto do DA baseados em uma única característica
<b>Relações de 1ª ordem</b>		<b>Relações de 1ª ordem</b>
Relações entre dois ou mais objetos do DB ou entre suas características	<i>Correspondências entre relações de menor complexidade serão representadas por uma seta bidirecional acompanhada da letra r</i>	Relações entre dois ou mais objetos do DA ou entre suas características
<b>Relações de ordem superior</b>		<b>Relações de ordem superior</b>
Relações estabelecidas entre relações previamente postuladas entre elementos do DB	<i>Correspondências entre relações de maior complexidade serão representadas por uma seta bidirecional acompanhada da letra R</i>	Relações estabelecidas entre relações previamente postuladas entre elementos do DA

Fonte: Ferry & Paula (2015)

A tabela I apresenta os símbolos gráficos que nós criamos para representar as correspondências entre os domínios base (DB) e alvo (DA). Essas correspondências podem incidir sobre objetos, atributos

dos objetos ou relações estabelecidas em cada domínio. Qualquer correspondência com ênfase negativa, isto é, que privilegie uma diferença, será representada por uma seta bidirecional marcada com um “X”, denotando uma correspondência contra-comparativa ou contra-analógica (FERRY & NAGEM, 2008).

### Sequência metodológica da análise

Para discutir as implicações da proposição da atividade didática apresentada na introdução deste trabalho, decidimos por elaborar um mapeamento estrutural da comparação entre o cariótipo humano e os “livros” chamados por nós de *haploid-books*. Para tanto, primeiramente alinhamos todos os objetos relevantes de cada domínio da comparação que poderiam ser colocados em correspondência. Em seguida, levantamos os atributos relevantes dessa comparação. Características irrelevantes do domínio base, tais como, o formato geométrico dos *haploid-books*, a textura do papel, ou o tamanho de cada página, não foram consideradas na elaboração do mapeamento, isto é, foram descartadas, conforme a orientação dada por Gentner (1983).

Após o levantamento dos atributos relevantes, identificamos as relações estruturais mais evidentes entre esses objetos ou entre esses atributos. Essas relações foram chamadas de relações de primeira ordem. A partir das relações de primeira ordem, foi possível identificar relações entre essas relações, que foram chamadas de relações de ordem superior. Fizemos também o levantamento de limitações da comparação entre os dois domínios da atividade.

Tivemos o cuidado em validar esse mapeamento estrutural da comparação por meio de uma verificação triangulada entre os autores deste trabalho, duas professoras de Biologia e um professor de Química. A partir do mapeamento estrutural validado, analisamos a pertinência das proposições encontradas na atividade didática, discutindo a respeito do potencial analógico da comparação que a estruturou.

## IV. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A tabela II apresenta o resultado do alinhamento estrutural entre os objetos, atributos e relações estabelecido para os dois domínios da comparação: uma orquestra musical (DB) e o corpo humano (DA).

**TABELA II** – Mapeamento estrutural das correspondências e limitações levantadas na comparação entre o *Haploid-Books* (DB) e o Cariótipo humano (DA) proposta na atividade de ensino.

DOMÍNIO BASE <i>HAPLOID-BOOKS</i>	CORRESPONDÊNCIAS	DOMÍNIO ALVO Cariótipo Humano
<i>Haploid-Books</i>	$\longleftrightarrow O_1$	Cariótipo Humano (diploide)
Páginas	$\longleftrightarrow O_2$	Cromossomos
Capítulos	$\longleftrightarrow O_3$	Genes
<i>Haploid-Book pink</i>	$\longleftrightarrow O_{4'}$	Cariótipo Haplóide do ovócito
<i>Haploid-Book blue</i>	$\longleftrightarrow O_{4''}$	Cariótipo Haplóide do espermatozóide
As descrições em letras maiúsculas	$\longleftrightarrow O_{5'}$	Alelos dominantes
As descrições em letras minúsculas	$\longleftrightarrow O_{5''}$	Alelos recessivos
Celulose	$\longleftrightarrow O_6$	Ácido desoxirribonucleico (DNA)

Letras		Nucleotídeos
	$\longleftrightarrow O_7$	
O <i>Haploid-Book</i> apresenta informações genéticas	$\longleftrightarrow A_1 (O_1)$	O cariótipo humano apresenta informações genéticas
A função dos capítulos é armazenar e determinar características	$\longleftrightarrow A_2 (O_3)$	A função dos genes é armazenar e determinar características
Capítulos diferentes determinam características diferentes	$\longleftrightarrow A_3 (O_3)$	Genes diferentes determinam características diferentes
<i>Haploid-Book pink</i> e <i>Haploid-Book blue</i> determinam as características dos gametas feminino e masculino, respectivamente	$\longleftrightarrow A_4 (O_4)$	Ovócito e espermatozóide determinam as características dos gametas feminino e masculino, respectivamente
As páginas são constituídas estruturalmente por capítulos	$\longleftrightarrow r_1 (O_2, O_3)$	Os cromossomos são constituídos estruturalmente por genes
As páginas armazenam e organizam somente um até, no máximo, três capítulos	$\longleftrightarrow r_1 (O_2, O_3)$ $\times$	Os cromossomos armazenam e organizam inúmeros genes
Cada <i>Haploid-Book</i> é constituído por 23 páginas, que por sua vez, são constituídas por capítulos	$\longleftrightarrow R_1 (r_1, O_1)$	Cada Cariótipo é constituído por 23 cromossomos, que por sua vez, são constituídos por genes
A mudança de letras resulta em mudança no capítulo	$\longleftrightarrow r_2 (O_3, O_7)$	A mudança de nucleotídeo resulta em mudança no gene
As páginas são constituídas por uma substância: a celulose	$\longleftrightarrow r_3 (O_2, O_6)$	Os cromossomos são constituídos por uma substância: o ácido desoxirribonucléico (DNA)
A informação dos capítulos é determinada pela associação de letras do alfabeto A-Z	$\longleftrightarrow r_5 (A_3, O_7)$	A informação dos genes ocorre pelas ligações entre monômeros nucleotídicos (ACTG)
A união das informações dos <i>Haploid-Book pink</i> e <i>Haploid-Book blue</i> geram perfil total de informações do indivíduo (diplóide)	$\longleftrightarrow r_6 (O_4, O_1)$	A união das informações genéticas do ovócito e espermatozóide geram o cariótipo do novo indivíduo (diplóide)
As letras maiúsculas em um capítulo determinam informações mais expressivas, ou seja, necessitam apenas uma descrição com letras maiúsculas para expressar a característica daquele capítulo	$\longleftrightarrow r_7 (O_5', A_3)$	Os alelos dominantes de um gene determinam informações genéticas mais expressivas, ou seja, necessitam apenas de um alelo para expressar o fenótipo daquele gene.
As letras minúsculas de um capítulo determinam informações menos expressivas.	$\longleftrightarrow r_8 (O_5'', A_3)$	Os alelos recessivos de um gene determinam informações genéticas menos expressivas.
A descrição em letra minúscula somente é expressa quando ela se combina com outra descrição em letra minúscula.	$\longleftrightarrow r_9 (O_5'', O_5'')$	A característica fenotípica de um alelo recessivo somente é expressa quando ele se combina com outro alelo recessivo.
As letras maiúsculas ou minúsculas dentro de cada capítulo e página podem variar no <i>Haploid-Book pink</i> e <i>Haploid-Book blue</i> .	$\longleftrightarrow r_{10} (O_5, O_4, O_2, A_3)$	Os alelos dominante e recessivo dentro de cada gene e cromossomo podem variar nos ovócitos e espermatozóides.
A característica determinada pela descrição em letra maiúscula é “mais importante” que a característica determinada pela descrição em letra minúscula	$\longleftrightarrow R_2 (r_7, r_8)$	A característica fenotípica resultante por um alelo dominante é mais expressiva que a característica do alelo recessivo
Somente a informação descrita no texto é considerada para a expressão da característica.	$\longleftrightarrow R_2 (r_7, r_8)$ $\times$	O fenótipo biológico é resultado da interação entre a expressão genotípica e o meio ambiente.

**Fonte:** Produzida pelos autores.

A nossa análise a partir da teoria do mapeamento estrutural (GENTNER, 1983) nos permitiu levantar sete objetos e quatro atributos dos objetos em correspondência entre os dois domínios. O mapeamento estrutural indicou, ainda, doze sistemas de relações conectadas entre objetos e atributos, sendo dez relações de primeira ordem e duas relações de ordem superior.

O mapeamento entre o *Haploid-book* e o cariótipo indicou que essa comparação atende às três restrições psicológicas descritas por Gentner & Markman (1997), ou seja, trata-se de uma analogia estruturalmente consistente, sistemática e com foco relacional. Percebemos a consistência estrutural da comparação na medida em que as relações de primeira e segunda ordem foram estruturadas seguindo uma conectividade em paralelo. Mais do que uma correspondência entre objetos e atributos, o mapeamento estrutural determinou a presença de foco relacional envolvendo relações comuns aos dois domínios. Uma vez que as correspondências estabelecidas entre os

dois domínios (*Haploid-book* e cariótipo) configuraram-se predominantemente por relações, concluímos que a comparação que estruturou a atividade didática apresenta um significativo potencial analógico, de acordo com o nosso referencial teórico.

A compreensão da analogia está relacionada à condição do aluno não só entender as semelhanças que existem entre a base e o alvo, mas também de observar os limites ou diferenças visando promover ao processo de ensino-aprendizagem dos conceitos científicos uma aceção dinâmica, reflexiva e confrontadora. (FERRY & NAGEM (2008); Por isso, consideramos que as limitações apontadas em nosso mapeamento - em  $r_1$  e em  $R_2$ , são importantes aspectos a serem discutidos com os estudantes em sala de aula. Na limitação de  $r_1$  destaca-se que o cariótipo diplóide, formado pela união dos *Haploid-book pink* e *blue*, gera um número menor de informações genéticas que um indivíduo normalmente apresenta. Em  $R_2$  a limitação é a não representação do meio ambiente como objeto. Sabendo-se que o meio interage com o genoma na formação do fenótipo, propomos que esta limitação seja utilizada pelo professor de forma a promover reflexões em sala e gerar uma análise crítica pelos estudantes a respeito da influência dos genes no desenvolvimento do indivíduo, como por exemplo: “*será que uma pessoa que possui genes ativos para o armazenamento excessivo de gordura, necessariamente desenvolverá a obesidade? O conhecimento da constituição genética pode auxiliar na prevenção de doenças? Gêmeos univitelinos possuem personalidade e comportamentos iguais?*”. Estes são exemplos de questionamentos que poderão pelo professor ou talvez pelos próprios estudantes. Segundo Mozzer & Justi (2013) a importância de apresentar as limitações aos alunos é que estes compreendam os modelos e, portanto, também as analogias, como representações parciais de um domínio alvo resultante do estabelecimento de uma relação analógica com este.

É importante destacar que o número de correspondências aqui propostas não se constitui na totalidade de comparações possíveis a serem feitas. Conforme descrito por Ferry & Nagem (2008) as analogias possuem um caráter dinâmico que possibilita uma espécie de movimento. Movimento de comparação entre os aspectos semelhantes e diferentes, com a aproximação e o afastamento de dois domínios em correspondência. Isto quer dizer que através do pensamento do aluno, com a intervenção do professor, é possível que outras correspondências sejam apontadas a esta analogia, o que constitui um exemplo de reflexão, interação e participação de alunos e professores na construção dos análogos, conforme discutido por Nagem *et al.* (2001).

## V. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Este trabalho apresentou a análise de uma proposta de atividade didática com potencial analógico, na qual foram comparados aspectos de um livro modelado e chamado de “*Haploid-book*” aos conceitos relacionados ao cariótipo humano. A análise foi baseada na Teoria do Mapeamento Estrutural proposta por Gentner (1983), uma ferramenta ainda pouco utilizada na sistematização de similaridades entre domínios das analogias, mas que permitiu a análise do nível de enriquecimento da comparação ao identificar correspondências estruturais entre objetos, atributos e relações existentes em ambos os domínios. Esta distinção, apesar de necessária, não é mencionada nos trabalhos dedicados às análises de analogias.

Diante dos dados apresentados, concluímos que a atividade proposta se configura como uma excelente alternativa didático-pedagógica, do ponto de vista cognitivo, tendo em vista a natureza da comparação analisada, predominantemente constituída tanto por relações de ordem superior quanto por relações de primeira ordem. Vimos também que a teoria que utilizamos nos permitiu perceber o nível de enriquecimento oferecido por esta comparação a ser explorada em uma sala de aula de Ciências, evidenciando a sofisticação da analogia que estruturou a atividade. Consideramos pertinente a avaliação dessa atividade didática sendo aplicada em uma situação real de sala de aula, a fim de se discutir com mais propriedade as suas implicações para os processos de ensino e de aprendizagem

## AGRADECIMENTOS

Grupo de Estudos em Analogias e Metáforas na Educação, na Tecnologia e na Ciência (GEMATEC) do CEFET/MG

## REFERÊNCIAS

Andrade, B. L. & Ferrari, N. (2002) As analogias e metáforas no ensino de ciências à luz da epistemologia de Gaston Bachelard. ENSAIO – Pesquisa em Educação em Ciências – volume 2, n. 2, pg. 1-11.

- Banet, E. & Ayuso, E. (1995) Introducción a la genética en la enseñanza secundaria y bachillerato: I. Contenidos de enseñanza y conocimientos de los alumnos. *Enseñanza de las Ciencias*, volume 13, n.2, p.137-153.
- Braga, C. M. D. S. (2010) O uso de modelos no ensino da divisão celular na perspectiva da aprendizagem significativa. (Tese de mestrado). Universidade Federal de Brasília. Brasília, DF.
- Duarte, M. C. (2005) Analogias na educação em ciências: contributos e desafios. In: *Investigações em Ensino de Ciências*. volume 10, n.1, pg. 7-29.
- Fabrício, M. F. L.; Jofóli, Z. M. F.; Semen, L. S. M. & Leão, A. M. A. C. (2006) A compreensão das leis de Mendel por alunos de biologia na educação básica e na licenciatura. *Ensaio– Pesquisa em Educação em Ciências*, Uberlândia, volume 8, n. 1, pg. 12-25.
- Ferry, A. S. & Nagem, R. L. (2008) Analogias & contra-analogias: uma proposta para o ensino de ciências numa perspectiva bachelardiana. *Revista experiências em Ensino de Ciências*, volume 3, n.1, pg. 7-21.
- Ferry, A. S. Paula, H. F. (2015). *Mapeamento estrutural de analogias e outras comparações em uma sala de aula de Química*. X Encontro Nacional de Pesquisa em Educação em Ciências – X ENPEC. Águas de Lindóia, SP. 24 a 27 de Novembro de 2015 [submetido para publicação]
- Figueroa, A. M. S.; Nagem, R. L. & Carvalho, E. M. de (2004) Metodologia de ensino com analogias: um estudo sobre a classificação dos animais. *Revista Iberoamericana de Educación*. Disponível em: <http://www.rioei.org/deloslectores/842Senac.PDF>. Acesso em: 15 jun. 2015.
- Gentner, D. (1983) Structure-Mapping: A Theoretical Framework for Analogy. *Cognitive Science*, volume 7, pg. 155-170.
- Gentner, D. & Markman, A. B. (1997) Structure Mapping in Analogy and Similarity. *The American Psychological Association*, volume 52, n. 1, pg. 45-56.
- Glynn, S. M. (1991) ‘Explaining Science Concepts: A Teaching-With-Analogies Model’. In: S. M. Glynn, R.H. Yeany and B.K. Britton (eds.). *The Psychology of Learning Science*, pg. 219-240.
- Harrison, A. G. & Treagust, D. F. (1993) ‘Teaching with Analogies: A case Study in Grade-10 Optics’. *Journal of Research in Science Teaching*, volume 30, n.10, pg.1291-1307.
- Kalamar, L. & Machado, C. J. (2014) Levantamento e classificação das analogias presentes em livros didáticos de biologia do ensino médio, com enfoque no tema genética. *Ensino, Saúde e Ambiente – volume 7, n. 3, pg. 30-49*.
- Lewis, J.; Leach, J. & Wood-Robinson, C. (2000) All in the genes? – Young people’s understanding of the nature of genes. *Journal of Biological Education*, volume 34, pg.74-79.
- Maestrelli, S.R.P & Ferrari, N. (2006) O Óleo de Lorenzo: O uso do cinema para contextualizar o ensino de genética e discutir a construção do conhecimento científico. *Genética na Escola*, volume 1, n. 2, pg. 35-39.
- Marcelos, M. F. & Ferry A. S. (2013) A metodologia de ensino com analogias (MECA) aplicada ao ensino de evolução: a árvore da vida de Charles Darwin. In: *IX Congresso Internacional Sobre Investigación En Didáctica De Las Ciencias*, Girona. *Enseñanza de las Ciencias*, pg. 2114-2119.
- Mozzer, N. B. & Justi, R. (2013) A elaboração de analogias como um processo que favorece a expressão de concepções de professores de Química. *Educación Química – volume 24, pg. 163–173*.
- Moreira, M. A. A. (2006) *A Teoria da aprendizagem significativa e sua implementação em sala de aula*. Brasília: Editora Universidade de Brasília.
- Nagem, R. L.; Carvalhaes, D. O. & Dias, J. A. Y. T. (2001) Uma proposta de Metodologia de Ensino com Analogias. *Revista Portuguesa de Educação*, volume 14, n. 1, pg. 197-213.
- Pedrancini, V. D.; Corazza-Nunes, M. J.; Galuch, M. T. B.; Moreira, A. L. O. R. & Ribeiro, A. C. (2007) Ensino e aprendizagem de Biologia no ensino médio e a apropriação do saber científico e biotecnológico. *REEC: Revista eletrônica de enseñanza de las ciencias*, volume 6, n. 2, pg. 299-309.
- Pedroso, C. V. & Amorim, M. A. L. (2009) Uso de uma atividade didática baseada em analogia para o ensino de genética: o que há de comum entre dois prédios iguais e cromossomos homólogos? *X Salão de Iniciação Científica– PUCRS*.
- Reis, T. A.; Rocha, L. S. S.; Oliveira, L. P. de & Lima, M. M. O. (2010) O ensino de genética e a atuação da mídia. Instituto Federal do Piauí/Campus Floriano. *V Congresso de Pesquisa e Inovação da Rede Norte Nordeste de Educação Tecnológica*. Disponível em: <http://connepi.ifal.edu.br/ocs/index.php/connepi/CONNEPI2010/paper/viewFile/851/574> Acesso em: 27 jun. 2015.
- Scheid, N. M. J. & Ferrari, N. (2006) A história da ciência como aliada no ensino de genética. *Genética na Escola*, volume 1, n. 1, pg. 17-18. Disponível em: [http://www.educadores.diaadia.pr.gov.br/arquivos/File/fevereiro2013/ciencias\\_artigos/historia\\_ciencia\\_genetica.pdf](http://www.educadores.diaadia.pr.gov.br/arquivos/File/fevereiro2013/ciencias_artigos/historia_ciencia_genetica.pdf) Acesso em: 16 ago. 2015.
- Schneider, E. M.; Justina, L. A. D.; Andrade, M. A. B.S. de; Oliveira, T. B. de & Meglhioratti, F. A. (2011) Conceitos de gene: construção histórico-epistemológica e percepções de professores do ensino

- superior. Investigações em Ensino de Ciências, volume 16, n. 2, pg. 201-222. Disponível em: <[http://www.if.ufrgs.br/ienci/artigos/Artigo\\_ID261/v16\\_n2\\_a2011.pdf](http://www.if.ufrgs.br/ienci/artigos/Artigo_ID261/v16_n2_a2011.pdf)>. Acesso em: 29 jun. de 2015.
- Silveira, R. V. M. da & Amabis, J. M. (2003) Como os estudantes do ensino médio relacionam os conceitos de localização e organização do material genético? IV Encontro Nacional de Pesquisa em Educação em Ciências. Bauru, São Paulo. Disponível em: <<http://fep.if.usp.br/~profis/arquivos/ivenpec/Arquivos/Orais/ORAL052.pdf>> Acesso em: 16 ago. de 2015.
- Temp, D. S. & Bartholomei-Santos, M. L. (2003) Desenvolvimento e uso de um modelo didático para facilitar a correlação genótipo-fenótipo. Revista electrónica de investigación en educación en ciencias, volume 8, n.2, pg. 13-20.
- Terrazzan, E. A.; Buske, R.; Amorim, M. Â. L. & Freitas, D. S. (2003) Analogias em livros didáticos de biologia: um estudo comparativo segundo o “estilo” do autor e a natureza do tópico conceitual. Universidade Federal de Santa Maria/ Campus Universitário, Camobi. IV Encontro Nacional de Pesquisa em Educação em Ciências. Núcleo de Educação em Ciências.
- Venville, G. J. & Treagust, D. F. (1996) The role of analogies in promoting conceptual change in biology. Instructional Science, Amsterdam, volume 24, n.4, pg. 295-320.
- Vilas Boas, A. (2006) Conceitos errôneos de Genética em livros didáticos do ensino médio. Genética na Escola, volume 1, n. 1, pg. 17-18. Disponível em: <[http://media.wix.com/ugd/b703be\\_7b89a73418c349e2870208c22d05fc34.pdf](http://media.wix.com/ugd/b703be_7b89a73418c349e2870208c22d05fc34.pdf)> Acesso em: 16 de ago. de 2015.
- Xavier, M. C. F.; Freire, A. de S. & Moraes, M. O. (2006) New Biology and genetics in High School science text books. Ciência & Educação. volume 12, n. 3, pg. 275-289. Disponível em: <<http://www.scielo.br/pdf/ciedu/v12n3/03.pdf>> Acesso em: 16 de ago. de 2015.
- Wilbers, J. & Duit, R. (2001) On the micro-structure of analogical reasoning: the case of understanding chaotic systems. In: BEHRENDT, H. et al. Research in Science Education – Past, Present and Future. Dordrecht: Kluwer, pg. 205-210.