

## Modelos metafóricos e a postura do tradutor frente a textos científicos<sup>1</sup>

Rita Temmerman<sup>2</sup>

Tradução: Danilo Nogueira Marra<sup>3</sup>

Revisão da tradução: Aline Evers<sup>4</sup>

Revisão técnica: Maria José Bocorny Finatto<sup>5</sup>

Sem dúvida, a utilidade das metáforas constitutivas de teoria parece partir do fato de que elas possibilitam gerar uma terminologia para elementos do mundo cuja existência parece provável, mas cujas propriedades fundamentais ainda não foram descobertas. As metáforas constitutivas de teoria, em outras palavras, representam uma estratégia para acomodar a língua aos elementos causais do mundo ainda não descobertos. (Boyd, 1979:364)

*Neste artigo, investigaremos os mecanismos que estão por trás do surgimento de novas áreas do conhecimento. A nossa hipótese é a de que esses mecanismos estão, de modo geral, relacionados com – e são inspirados por – raciocínios metafóricos. O atual modelo cognitivo de um domínio-fonte de conhecimento é utilizado para estruturar e categorizar um domínio-alvo. O modelo metafórico é um esquema base que não está completamente expresso no nível da proposição e do léxico: as características e os resultados do pensamento metafórico estão presentes nas lexicalizações metafóricas. Contestaremos o princípio da teoria tradicional da Terminologia da Escola de Viena que afirma que, considerando a comunicação sem ambiguidades como a ideal para a linguagem científica, é preferível substituir um termo metafórico pelo seu equivalente*

<sup>1</sup> Artigo publicado originalmente em 2002 em *Linguística Antverpiensia*, 1: 211-226. Traduzido com a permissão da autora a partir do texto em inglês TEMMERMAN, Rita. *Metaphorical models and the translator's approach to scientific texts*. *Linguística Antverpiensia*, 1: 211-226 (2002).

<sup>2</sup> Erasmushogeschool Brussel, Bélgica.

<sup>3</sup> Universidade Federal do Rio Grande do Sul, RS.

<sup>4</sup> Universidade Federal do Rio Grande do Sul, RS.

<sup>5</sup> Universidade Federal do Rio Grande do Sul, RS.

*literal. Mostraremos ainda como o modelo metafórico gestáltico, que foi fundamental para o surgimento de novas descobertas e de conceituações mais precisas, continua a desempenhar um papel importante em textos didáticos e científicos das ciências biológicas que tratam dos mesmos temas ou de temas relacionados.*

Sugerimos que a Terminologia poderia desenvolver diretrizes para a descrição de modelos metafóricos partindo de lexicalizações metafóricas, que são as marcas impressas pelo pensamento metafórico em uma linguagem. Tradutores conscientes da influência do raciocínio metafórico nas lexicalizações da linguagem científica desenvolverão a habilidade de distinguir quais modelos metafóricos são linguística e culturalmente independentes e quais deles não são.

Para este trabalho, os domínios-fonte e alvo do pensamento analógico, que são a base das metaforizações, foram estabelecidos no campo das ciências biológicas. As características de um pensamento analógico se encontram nos registros textuais de um campo de conhecimento, no caso, as ciências biológicas, e podem ser reconhecidas a partir das lexicalizações metafóricas presentes no léxico da respectiva linguagem. Essas lexicalizações permitem trazer o pensamento analógico para um plano visível e descrevê-lo de forma objetiva. Esforços têm sido realizados para compreender melhor as interligações entre as metaforizações existentes na linguagem de um domínio de experiência específico. Essas interligações constituem os modelos cognitivos metafóricos (Lakoff & Johnson, 1980; Lakoff, 1987; Johnson, 1987; Liebert, 1992, 1995a, 1995b, 1996).

Inicialmente, definiremos o conceito de metáfora que será abordado neste artigo (seção 1.). Em seguida, defenderemos que, ao contrário do que acreditam as escolas tradicionais de Terminologia, as pesquisas sobre metáfora em linguagens especializadas são relevantes (seção 2.). Na seção 3., mostraremos como o modelo cognitivo (MC) metafórico mais básico da área da genética é o modelo *informação*. Esse MC possui diversos subMCs como DNA É LINGUAGEM (seção 3.1.), DNA É INFORMAÇÃO EM UM ATLAS GEOGRÁFICO (seção 3.2.), DNA É SOFTWARE (SEÇÃO 3.3.) e DNA É FITA CINEMATOGRAFICA (seção 3.4.).

Além de contribuir com evidências que apontam para a existência de MCs metafóricos e com dados para a descrição de uma análise sistemática de novas lexicalizações metafóricas, este estudo de caso também irá fornecer evidências que sustentarão as duas questões que seguem.

Em primeiro lugar, deve-se rebater a afirmação feita pela teoria tradicional da Terminologia de que é preferível o signo linguístico ser arbitrário<sup>6</sup> do que motiva-

<sup>6</sup> O princípio Saussuriano da arbitrariedade do signo linguístico referente à ausência de ligações motivadas entre som e conceito. Ainda, “não obstante a arbitrariedade do signo linguístico e a característica sistemática da fonologia, o significado de enunciados linguísticos

do quando se busca garantir a univocidade e evitar a polissemia. Se a cognição e a linguagem são vistas como faculdades interligadas, então grande parte dos signos linguísticos estruturados em um MC metafórico mostra sistematicidade e, portanto, são motivados. Contudo, isso não implica que o desenvolvimento seja previsível. A teoria da Terminologia talvez devesse compreender melhor como os MCs metafóricos influenciam o processo de categorização e criar diretrizes para a sua descrição (seção 4.). Em segundo lugar, os tradutores de textos científicos da área das ciências biológicas, assim como de outras áreas, devem ter consciência do pensamento metafórico que fundamenta as lexicalizações da área que estão traduzindo (seção 5.).

## 1. Uma Definição de Metáfora

A metáfora pode ser considerada um fenômeno multidimensional. Apesar de já ter sido tratada como uma forma de expressão irregular ou uma figura de linguagem literária secundária, nas últimas décadas, a metáfora alcançou uma notável relevância na filosofia, psicologia, linguística e outras ciências cognitivas (Ortony, 1979; Lakoff & Johnson, 1980; Paprotté & Dirven, 1985; Johnson, 1987; Lakoff, 1987; Kittay, 1987; Gentner, 1988; Way, 1991; Indurkha, 1992; e Liebert, 1992).

O termo *metáfora* “é frequentemente utilizado em comparações não literais que sejam novas e ilustrativas e que transmitam idéias que, de outra forma, seriam difíceis de serem expressas” (Ortony, 1975, em Gentner et al., 1988:171). De acordo com Lakoff & Johnson (1980), a metáfora não está apenas no plano da linguagem, pois “A [sua] essência é compreender e experienciar uma coisa em termos de outra” (47). Para o estudo do papel da metáfora na teoria da Terminologia, utilizamos neste trabalho as seguintes categorizações: *metáfora do lexema*, *metáfora da categoria* e *metáfora da área* (Liebert, 1995a; Temmerman, 2000a).

Ao se estudar a *parole* das ciências biológicas a partir de textos escritos por especialistas da área, buscamos expressões linguísticas e lexicalizações que fornecessem evidências da dimensão imagístico-esquemática das metáforas. O que queremos é investigar o possível impacto da teoria do modelo cognitivo metafórico na teoria terminológica e, ainda, verificar de que maneira os tradutores de textos científicos poderiam ser instruídos a lidar com as lexicalizações metafóricas. Para tanto, tivemos que nos perguntar qual seria a idéia que a teoria tradicional da Terminologia fazia sobre metáfora.

ainda deriva do significado de seus componentes, as palavras” (Pavel, 1989:29). O Experimentalismo tenta encontrar novas explicações para nomeações motivadas.

## 2. A Metáfora na Teoria Tradicional da Terminologia

No primeiro capítulo de *Metaphors we live by* (1980) (*Metáforas da Vida Cotidiana*, 2002), Lakoff & Johnson formulam a principal crítica sobre a forma como a metáfora é vista pela teoria tradicional da Terminologia:

A metáfora é usualmente vista como uma característica restrita à linguagem, uma questão mais de palavras do que de pensamento ou ação. (45)

Encontramos indícios de um consenso implícito (Felber, 1984) e explícito (ISO TC 37) de que, para a teoria tradicional da Terminologia, a metáfora é apenas relevante enquanto recurso da **capacidade linguística de nomear** as coisas. Apesar de Felber não utilizar o termo *metáfora*, ele menciona “empréstimos dentro de uma mesma língua” (175) quando discute “termos”.

Às vezes é útil modificar um significado e atribuí-lo a um termo de outra área de conhecimento – considerando esse campo suficientemente distante para que se possa evitar ambiguidades. Esse termo é chamado de termo transferido [sic]. (175)

Um dos exemplos de Felber é: “os termos *informação* e *código* foram introduzidos na genética com significados modificados” (175). O autor não faz referência ao papel que a interpretação ou a compreensão da genética em termos de *informação* e *código* exerce sobre o aspecto criativo do pensamento científico. Em sua análise, o processo mental e a compreensão já tinham sido alcançados antes de o termo ter sido empregado. Ele ainda defende que a razão pela qual se atribui a um conceito o “termo transferido”, e não um “termo literal” diferente, é que “um termo emprestado, escolhido de maneira criteriosa, pode ser mais conciso do que outro, complexo e especialmente construído” (175). A palavra *metáfora* sequer é mencionada por Felber.

Para o autor, o termo transferido é importante somente quando se nomeia um conceito, o que ocorre de forma ideal independentemente de seu entendimento a fim de se evitar a polissemia (ver Temmerman 2000a, capítulo 3). Terminólogos mais tradicionais, como o próprio Felber, acreditam que um conceito surge independentemente da linguagem, pois ele deve existir de maneira clara e objetiva, fazendo parte do mundo real. Ao mesmo tempo, o elemento transferido é considerado como apenas parte da linguagem em sua capacidade de nomeação. Neste artigo, mostraremos como o modelo *informação* está na base de uma nova compreensão da genética. Uma lista de lexicalizações foi produzida se valendo desse MC.

Em contrapartida, o termo *metáfora* aparece em ISO/TC 37/SC1/cd 704.2 N 133 95 EN, no qual é definido como um método de criação de termos por empréstimo interdisciplinar.

Nos empréstimos interdisciplinares, uma palavra da linguagem cotidiana ou um termo de outra área de conhecimento é tomado emprestado e atribuído a um novo conceito. (26)

Os exemplos dados são: “*memory* [memória] (capacidade do cérebro humano); *memory* [memória] (capacidade de armazenamento temporário de um computador)” e “*mouse* [camundongo] (pequeno roedor); mouse (dispositivo de conexão entre computador e usuário)”. Apesar do padrão ISO/TC37 apontar que “Empréstimos interdisciplinares utilizam características próprias do conceito (ou significado) original de **forma metafórica** – o que gera polissemias tanto na linguagem cotidiana quanto na de especialidade” (26) –, esse padrão não oferece princípios para a descrição sistemática de metáforas em um campo específico.

Sugestões de como se estudar e de como descrever metáforas sistematicamente são dadas por Lakoff & Johnson (1980) e por Lakoff (1987). Ao contrário dos partidários de uma teoria tradicional objetivista da Terminologia, que acreditam que a comunicação nas linguagens especializadas se beneficiaria com a exclusão das metáforas, Lakoff & Johnson afirmam que as metáforas ocupam qualquer aspecto da compreensão humana (não apenas na linguagem, mas também nos pensamentos e ações). “Nosso sistema conceitual ordinário, em termos do qual não só pensamos como também agimos, é fundamentalmente metafórico por natureza” (45). Uma nova interpretação para os termos *informação* e *código* (ver seção 3.1.) na genética será dada aqui, baseando-se nas sugestões para a análise e descrição de metáforas. Esses termos não foram simplesmente “introduzidos na genética com significados modificados” (Felber, 1984:175), na realidade, eles são o resultado de compreensões e nomeações baseadas em “Modelos Cognitivos Metafóricos Idealizados” (MCI-m) (Lakoff, 1987), o que possibilitou uma nova forma de se entender a genética como informação. A principal hipótese de Lakoff (1987) é a de “que organizamos nosso conhecimento através de estruturas chamadas modelos cognitivos idealizados, ou MCIs, e que estruturas categóricas e efeitos prototípicos são subprodutos dessa organização” (68).

De acordo com a teoria experiencialista, a metaforização é alcançada através do mapeamento parcial de alguma estrutura de MCI de um domínio-fonte para uma estrutura correspondente em um domínio-alvo. Para facilitar a leitura, devemos colocar de um lado o domínio primário (ou fonte) – o qual pode ser literal ou metafórico – e, de outro, o domínio metafórico secundário (ou alvo).

O MCI-m *informação* possui pelo menos quatro subMCI-ms com diferentes nomeações metafóricas: 1) MATERIAL GENÉTICO (DNA) É LINGUAGEM; 2) TOTALIDADE DO MATERIAL GENÉTICO (GENOMA) DE UM ORGANISMO É ATLAS GEOGRÁFICO; 3) MATERIAL GENÉTICO (DNA) É SOFTWARE DA CÉLULA; e 4) MATERIAL GENÉTICO É FITA MAGNÉTICA.

Pelo fato de o sistema conceitual não ser algo constantemente percebido pelas pessoas, uma forma de reconhecer os MCI-ms que estruturam parte da compreensão humana é procurar pelos seus indícios na linguagem (*parole*).



### 3. Nomeações Metafóricas: os Indícios de MCI-ms na Linguagem

Nesta seção, acompanharemos o **desenvolvimento** da compreensão e do conhecimento humano através do raciocínio metafórico (o mapeamento entre um domínio-fonte e um domínio-alvo). O raciocínio metafórico implica a compreensão de um novo fato, situação ou processo ou qualquer outro tipo de categoria baseada na analogia criada entre o que se busca compreender e o que já se conhece e compreende. Essa capacidade criativa ou inventiva é acessível e deixa traços em novas lexicalizações. O raciocínio criativo, que produz as nomeações metafóricas de novas categorias utilizando lexemas já existentes, baseia-se em experiências humanas.

Subjacente ao processo de compreensão dos mecanismos da vida está um conjunto de analogias que marcam as lexicalizações metafóricas. É possível observar o desenvolvimento de um novo campo lexical baseado em certas estruturas gestálticas metafóricas ou em esquemas de imagem de analogia. Ao se estudar o mapeamento, não apenas no nível do lexema, mas também no nível estrutural de categorias e domínios (ver Temmerman, 2000a), os mecanismos do raciocínio metafórico são revelados.

A metáfora especializada subjacente à compreensão da genética molecular diz que a hereditariedade se baseia na **informação** contida nos genes (DNA), o que foi explicitamente<sup>7</sup> mostrado no seguinte fragmento:

O trajeto da **informação genética** é unidirecional: do DNA à proteína, tendo como intermediário o RNA mensageiro (mRNA). A cópia da informação genética, codificada em DNA para RNA é conhecida como transcrição, e a sua posterior conversão em proteínas, tradução. O conceito de **fluxo de informação** é o **Dogma Central**. (Nicholl 1994:8)

Vários subdomínios do MCI-m **informação** explicam – e são explicados por – inúmeras lexicalizações metafóricas. A exemplo disso, temos:

– DNA É LINGUAGEM. Os genes são mensagens escritas em uma linguagem. Esse é o primeiro subMCI-m baseado na experiência de que **informação** é frequentemente expressa em uma **linguagem** (seção 3.1.).

– DNA É ATLAS GEOGRÁFICO. A localização da informação genética de um organismo (genoma) pode ser representada em mapas. Assim como os exploradores puderam obter **informações** quanto à localização de

<sup>7</sup> É possível citar inúmeros textos em que a analogia *informação* é defendida de maneira explícita. A analogia básica é bastante presente e ainda serve ativamente como fonte para novas lexicalizações no curso de outras descobertas e para uma melhor compreensão, como será visto.

fenômenos geográficos a partir da observação de mapas, geneticistas marcam a posição dos genes em mapas genéticos (seção 3.2.).

– DNA É SOFTWARE. O DNA é um *software* que pode ser executado pelas células. Esse é o terceiro subMCI-m baseado na experiência de que **informações** podem ser guardadas e disponibilizadas em **formato eletrônico** (seção 3.3.).

– DNA É FITA CINEMATOGRAFICA. O DNA é uma fita magnética que pode ser “lida” por um projetor. Esse é o quarto subMCI-m baseado na experiência de que **informações** podem ser guardadas e disponibilizadas em **fitas magnéticas** (seção 3.4.).

#### 3.1. DNA é linguagem

O primeiro subMCI baseia-se na experiência de que informações são expressas através de uma linguagem. Nesse caso, o material genético (DNA) pode ser entendido como uma linguagem. Shapiro (1991:4) descreve como a concepção do esquema genético, representado por letras, vem se desenvolvendo há algumas décadas. Até então, os estudiosos inspiravam-se em outras analogias que também deixaram suas marcas na linguagem. Os resquícios de uma idéia muito mais antiga ainda podem ser encontrados na linguagem como um tipo de fóssil verbal: a concepção de que a hereditariedade é preservada e transmitida através do sangue. Esse conceito se tornou tão popular que não é estranho escutar expressões como *sangue nobre*, *sangue ruim*, *sangue ancestral*, *sangue azul* e *sangue misturado*. A teoria sanguínea foi inicialmente desenvolvida por Aristóteles (384-322 a.C.) e outros estudiosos da época. Segundo os antigos defensores dessa idéia, a herança estava relacionada a uma combinação de características parentais contida na mistura de dois líquidos diferentes.

Contudo, um texto linear é diferente. Ele pode estar *unido*, mas não misturado. Uma criança recebe um conjunto de características genéticas de ambos os pais. Algumas características permanecem intactas enquanto outras podem se perder por completo.

Apresentaremos resumidamente a evolução do conceito de herança e indicaremos em **negrito** as **lexicalizações que sustentam as analogias fundamentais da linguagem genética**. As informações que seguem baseiam-se em Hodson (1992) e Berg & Singer (1992).

Os mecanismos da herança foram descobertos em 1866 por Gregor Mendel. Para ele, os “fatores” da herança (agora chamados de genes) eram entidades totalmente abstratas. Os microscópios da época operavam com ampliações de 1000x ou mais. No núcleo das células, era possível observar estruturas que se assemelhavam a cordões coloridos – razão pela qual foram chamados de

cromossomos (palavra grega para ‘corpo colorido’). Notou-se imediatamente que essas estruturas eram o segredo por trás dos “fatores” de Mendel, e a pesquisa com cromossomos tornou-se, então, o foco da genética. Era óbvio que os cromossomos forneciam a base física para o mecanismo de herança de Mendel, contudo, os “fatores” (genes) da herança não se limitavam a eles pelo simples fato de não haver cromossomos em número suficiente.

Apesar de, na época, os estudos das características dos genes já estarem consideravelmente avançados, ainda não existiam informações a respeito de sua natureza física além do fato de estarem localizados em uma fileira ao longo do cromossomo. Era evidente que os genes, de algum modo, guardavam **mensagens** e, para que se auto-perpetuassem através da divisão celular, deveriam se **duplicar** de forma precisa. Mas ainda não existia uma teoria sobre a constituição dos cromossomos que explicasse essas propriedades fundamentais. Mais tarde, experiências mostraram que o DNA (ácido desoxirribonucléico) era o elemento que guardava o segredo da herança genética. Francis Crick e James Watson resolveram o problema da estrutura da dupla hélice do DNA ao construir um modelo com arame e papelão. A molécula se assemelhava a uma escada espiralada com degraus formados por pares de bases – A (adenina) sempre combinada com T (timina) e C (citosina) sempre combinada com G (guanina) – e os corrimãos formados por cadeias de fosfato e açúcar.

Crick e Watson descobriram que o DNA possuía uma estrutura que o permitia se **auto-copiar**. Considerando que A deve formar par com T, e C com G, então, se uma molécula de DNA for dividida longitudinalmente, toda a informação necessária para reconstituir a molécula por completo estará nela mesma. A estrutura de DNA proposta por Crick e Watson também explica o funcionamento dos genes em termos químicos. Já se sabia, na época, que um gene controla a produção de uma única proteína. O modelo Crick-Watson mostrou que o gene poderia guardar uma **mensagem codificada em uma sequência de letras** que serve para orientar a produção de um tipo específico de proteína. A estrutura em código do DNA garante que (fig. 1):

- a) ele seja **replicado** para produzir mais moléculas de DNA;
- b) ele seja **transcrito** para RNA que será **traduzido** em uma proteína.

### 3.1.1 Transcrição e Tradução

O DNA sintetiza uma proteína através de uma molécula intermediária chamada ácido ribonucléico (RNA), muito semelhante ao DNA. O RNA, geralmente, possui a forma de um filamento único, e sua molécula é produzida segundo um padrão exato e contínuo através da **leitura** da sequência de base de uma hélice do DNA. Esse processo é conhecido como **transcrição** e o filamento de RNA produzido é chamado de **RNA mensageiro**, ou RNAm, já

que ele **carrega a mensagem** que controla a síntese de proteína correspondente à hélice de DNA **copiada**.

Sydney Brenner trabalhou com Crick no **deciframento do código de DNA**. Eles descobriram que o código é **escrito com “palavras” de três letras**. Quando se combinam quatro possíveis bases, tomando-as três a três, tem-se então a possibilidade de 64 (isto é,  $4^3$ ) agrupamentos, mas apenas 20 aminoácidos para **serem codificados**. Consta-se que a maioria dos aminoácidos é codificada por mais de um **códon** e que há ainda três **códons** que não representam quaisquer dos aminoácidos, mas servem como sinais de “interrupção” para a **mensagem de codificação da proteína** (ver fig. 4.).

A **sequência de códigos** dos genes do DNA é usada para construir a molécula de RNA **mensageiro**, elaborada pela enzima RNA polimerase. Esse processo é chamado de **transcrição**.

Também participam do processo várias moléculas de um tipo diferente de RNA conhecido como RNA transportador (RNAt). Cada uma delas é constituída de apenas três bases, formando assim o anticódon, que une-se ao códon do RNAm. Essa parte do processo, conhecida como **tradução**, ocorre nos ribossomos que funcionam como uma espécie de plataforma de montagem de proteínas. As moléculas de RNAt arranjam-se em fileira e os aminoácidos se ligam seguindo uma ordem específica para formarem a cadeia protéica.

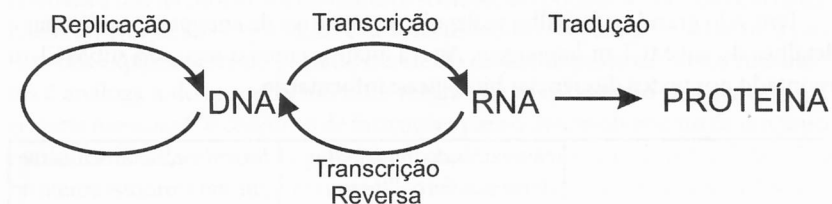


Figura 1. As setas indicam os processos e direções por onde a informação genética circula: do DNA para o RNA, do RNA para a proteína e do RNA para o DNA (Berg & Singer, 1992:35).

É difícil perceber quando o quadro cognitivo ou *gestalt* de “**linguagem**” está ativado, uma vez que é possível compreender a analogia entre gene e linguagem. Também é difícil entender uma particularidade dessa analogia: a visualização das bases nos filamentos de DNA, as quais são abreviadas para a primeira letra do nome (A, T, C, G), estimula a compreensão do processo genético através da analogia linguística. Assim, torna-se possível a transfe-

\* Grifo nosso.

rência metafórica da informação codificada em linguagem para uma nova compreensão/nomeação do campo de conhecimento da genética. O modelo metafórico *linguagem* começa a marcar a forma de se pensar a genética e a nomeação das unidades de compreensão. Ao lidarem com a mensagem do DNA, os autores da área se baseiam em qualquer vocabulário existente que tenha relação com *linguagem* e *processamento de linguagem*. Essa analogia tende a produzir lexicalizações explícitas.

É necessário fazer uma distinção entre: a) empréstimos de termos do modelo do domínio-fonte *linguagem* que sustenta a analogia (ex.: **letra**); b) criações de termos baseados no modelo do domínio-fonte *linguagem*, mas utilizando uma palavra que já existe em outro domínio (ex.: **sequenciar**); e c) novas criações lexicais inspiradas pelo modelo do domínio-fonte *linguagem*, mas com um nome diferente (ex.: **códon**) (ver fig.2.).

Em Temmerman 2000a, capítulo 5, são citados vários fragmentos de um *corpus* textual próprio nos quais o modelo analógico é explicado.

O modelo metafórico não produz uma analogia completa. Foram encontradas duas limitações: não há um paralelismo total entre unidades de compreensão indicadas pelo mesmo termo tanto do domínio-fonte quanto do domínio-alvo do modelo metafórico; e surgiram outras possíveis lexicalizações baseadas na analogia, mas elas não se materializaram por razões de competição com outros tipos de lexicalizações. Às vezes, a competição se origina de outras subMCIs-m do modelo de informação.

Tem sido grande o trabalho realizado na tentativa de encontrar evidências e detalhes do subMCI-m *linguagem*. Agora analisaremos o segundo subMCI-m apontado nos textos de ciências biológicas: **informação**.

	<i>elementos do modelo do domínio-fonte "linguagem" utilizados na analogia</i>	<i>lexicalizações baseadas em informações genéticas inspiradas na linguagem</i>
<b>tipo a</b> (empréstimo de termo ou palavra existente)	letra	<b>letra</b> (representante de uma base (nucleotídeo))
<b>tipo b</b> (a palavra existente determina um novo sentido)	letras aparecem em uma ordem ou sequência específica em um texto	a ordem das letras pode ser determinada por um método chamado de <b>sequenciamento</b>
<b>tipo c</b> (novo termo é criado)	palavras representam unidades de informação	<b>códons</b> são palavras de três letras

Figura 2: Três tipos de termos e suas correlações com a analogia entre genética e linguagem.

### 3.2 DNA é informação em Atlas geográfico

Primeiramente, apresentaremos a informação existente na analogia entre **mapeamento genético** e mapeamento geográfico (Jones utiliza o termo "geografia genética" (1993:46)), e indicaremos as lexicalizações que podem ser entendidas como produto dessa analogia. Em seguida, demonstraremos como essa analogia permite outras elaborações lexicais sem que se produza necessariamente nova terminologia. Nos textos didáticos, a analogia será explorada com o intuito de ajudar os estudantes a entenderem a disciplina, e, para tanto, novas lexicalizações serão criadas. Contudo, advertimos que esses neologismos não podem ser considerados termos de fato.

#### 3.2.1 A Genética e o Mapeamento Geográfico

A analogia entre a representação de uma **localização** – e as distâncias que a separam de outras localizações – e os genes ajudou a compreender a importância da posição dos genes no genoma de um organismo. Em organismos mais complexos, como os seres humanos, a busca por uma informação genética exigem dois dados: os cientistas precisarão saber **em qual cromossomo** um gene específico pode ser encontrado e **em qual ponto na sequência da informação genética do filamento de DNA** esse gene se encontra.

Exploradores e geneticistas baseiam-se na experiência de que informações relativas a um território inicialmente desconhecido podem ser obtidas e armazenadas através de sua exploração e de seu cuidadoso mapeamento. Assim, a postura dos exploradores do passado diante do descobrimento de novos continentes é análoga a dos geneticistas com relação ao **mapeamento dos genomas**. O *genoma humano* é "o conjunto de instruções para o desenvolvimento de um único óvulo fertilizado em um organismo complexo com mais de  $10^{13}$  células. Esse esquema é escrito em uma mensagem codificada baseada em uma sequência de bases de nucleotídeos – os As, Cs, Gs e Ts que estão presas às moléculas de DNA do genoma" (Cooper, 1994:71). Qualquer pessoa com conhecimentos básicos de biologia sabe que o DNA contém genes, que são mensagens codificadas utilizadas para a síntese de proteínas, e estes, por sua vez, realizam todos os tipos de funções orgânicas. Isso motivou os pesquisadores a começarem a ler toda a sequência de bases, de uma ponta à outra, e a desenhar o **mapa genético** completo do homem, marcados pelos RFLPs (Polimorfismos de Comprimentos de Fragmentos de Restrição), usados como **marcadores genéticos**. Como resultado disso, surgiu o Projeto Genoma Humano, um dos mais ambiciosos programas científicos do século XX – um esforço internacional que procura criar um **mapa detalhado do DNA humano**.

Desde o início do projeto (outubro de 1990), várias equipes de todo o mundo têm mapeado dedicadamente os 50.000 a 100.000 genes humanos e sequenciado os seus pares de bases (6 bilhões de bases). Estima-se que os mapas devam estar



completos em 2005<sup>9</sup> e sua contribuição terá valor incalculável para o desenvolvimento da biotecnologia, da biologia e da medicina clínica, pois permitirá que os cientistas localizem nos cromossomos humanos os genes causadores de algumas das doenças hereditárias.

Deve-se fazer uma distinção entre *mapas de ligamentos genéticos* e *mapas físicos*: os mapas de ligamentos genéticos mostram a posição de cada gene em relação a outro gene; nos mapas físicos, pode-se ler o número exato de pares de bases entre dois genes. É a combinação dos dois tipos de mapas que revelará o genoma humano.

domínio-fonte: mapa geográfico	domínio-alvo: mapa genético
continentes	cromossomos
localização dos lugares	localização dos genes
marcadores ou pontos de referência terrestres	RFLPs como marcadores
posição relativa de lugares em relação a outros lugares (em quilômetros ou milhas)	<i>mapa de ligamento genético</i> : a posição de cada gene em relação a outro (distância genética em centimorgans) <i>mapa físico</i> : o número de pares de bases entre dois genes (distância em pares de bases entre dois pontos de referência)
região	região
sítio	sítio

Figura 3: Aspectos da analogia entre mapas geográficos e mapas genéticos.

### 3.2.2 Lexicalizações baseadas na analogia

Estudamos fragmentos de quatro livros escritos para não-especialistas (Jones, 1993; Levine & Suzuki 1993; Cooper, 1994; e Shapiro, 1991), nos quais os aspectos da analogia mostrada na fig. 3. foram trabalhados de forma mais detalhada (ver Temmerman, 2000a, capítulo 5). Os seguintes fenômenos foram observados:

<sup>9</sup> Os trabalhos do projeto foram dados como concluídos em 2003. O original deste artigo foi publicado em 2002 (grifo nosso).

a) A analogia tem produzido um vocabulário amplamente aceito: **mapa, mapeamento, pontos de referência, sítios** (nomeação do **tipo a**, seção 3.1.).

b) A analogia tem produzido lexicalizações adaptadas à especificidade da nova área em crescimento (nomeação do **tipo b**, seção 3.1.). Alguns exemplos relacionam-se a **mapeamento genético**, como **mapeamento de ligação genética** e **mapeamento físico**.

c) A analogia tem produzido metaforizações didáticas (**descobrimto, rastreamento, caçadores de genes, exploradores**).

d) Foi possível ainda encontrar exemplos de como os autores elaboram os aspectos dessa analogia para que consigam transmitir a informação sem quaisquer outras lexicalizações resultantes desses exemplos.

Esse trabalho é importante, pois, por qualquer meio, achar um gene dentro do genoma humano é como tentar **rastrear** uma pessoa sem qualquer informação que não o fato de que o alvo está localizado em algum lugar na Terra. (Levine & Suzuki, 1993:28)

Sem os YACs (cromossomos artificiais de levedura), estaríamos parados com pequenos pedaços do **mapa físico** e sem possibilidade de juntá-los. **Usando uma analogia**, seria como se uma rodovia interestadual que, a cada quilômetro ou mais, se transformasse em uma estradinha de terra ou desaparecesse. Isso é melhor do que nada, mas não é tão proveitosa ou eficiente quanto uma rodovia contínua. (Cooper, 1994:103)

Mas os mapas não são meras **ferramentas de navegação**. Eles também proporcionam um **meio de correlacionar vários tipos de dados**. Por exemplo, nós usamos **mapas para localizar** montanhas, rios, cidades e limites entre estados, mas também utilizamos **mapas** para organizar densidades populacionais, frequência de chuvas, mudanças climáticas, atividades sísmicas etc. Assim que os dados são organizados em um mapa, começamos a enxergar relações entre eles. Diariamente, citogeneticistas, médicos e biólogos moleculares investigam o genoma de indivíduos, mas sem um mapa não teríamos como correlacionar esses dados com outras informações sobre o genoma. Quando tivermos um **mapa contínuo**, esses dados se tornarão importantes. (Cooper, 1994:104-5)

e) Foram encontradas algumas informações extras decorrentes, ainda que distantemente, da analogia. Esta reside na relação entre os exploradores, que desenhavam mapas em territórios onde têm que conviver com elementos incertos, e “os exploradores dos genes, que caminham em direção a um vasto **território desconhecido** em face de grandes incertezas – ambas políticas e tecnológicas” (Cooper, 1994:70).

### 3.3 DNA é software

O terceiro subMCI-m *informação* diz respeito à analogia na qual o material genético (DNA) é entendido como um *software* em um sistema de processamento

de informação (a célula), como pode ser observado nos seguintes excertos:

Cabe outra analogia aqui, uma que enfatiza o porquê da unidade da vida ter sido tão importante para a biologia molecular. É possível pensar as instruções codificadas do DNA como “*softwares*” moleculares que rodam no “*hardware*” da vida. Da mesma forma<sup>10</sup> que um programa de processamento de texto diz ao *hardware* do computador o que fazer, as instruções do DNA controlam o maquinário da vida. Por que essa comparação é útil? Porque, se um usuário trabalhar com um computador da forma como a maioria das pessoas trabalha, ele conhecerá suficientemente bem o seu editor de textos ou de planilha eletrônica favorito a ponto de poder usá-lo, mas dificilmente conseguirá desenvolver um programa similar sozinho. De forma análoga, os biólogos moleculares conhecem alguns “programas” baseados no DNA o suficiente para usá-los sem necessariamente entender por completo o seu funcionamento; portanto, é cômodo que a maior parte do *software da vida* – independente do organismo do qual provém – rode no *hardware* de praticamente qualquer célula viva. É essa a razão pela qual, exemplificando, os pesquisadores que descobrem e aprendem a trabalhar com o “editor de texto” molecular usado por um organismo pode tirar proveito dessa ferramenta para manipular o texto genético de diferentes organismos sem ter que, necessariamente, aprender como esse programa molecular funciona. (Levine & Suzuki, 1993:23)

Como já mencionado, as subunidades dos filamentos de DNA, os nucleotídeos, são as bases químicas para o armazenamento de informações na própria molécula. (Drlica, 1992:33)

“As instruções codificadas do DNA” são vistas como “*softwares* moleculares que controlam *hardware* da vida”. Essa comparação é importante pois, da mesma forma que usuários de computador são capazes de usar – mas não de escrever – programas, os biólogos moleculares conhecem suficientemente o DNA para usá-lo sem terem que entender por completo o seu funcionamento. O *software* (DNA) de um organismo pode rodar no *hardware* (células) de praticamente qualquer outro organismo.

### 3.4 DNA é fita cinematográfica

O modelo *informação* abriga mais submodelos além dos três apresentados até agora (linguagem, geografia e *software* de computador). Em Drlica (1984 & 1992), há um quarto subMCI-m *informação*, o submodelo *filme* (fig. 4.), utilizado para explicar a estrutura da informação genética.

Sob alguns aspectos, o DNA é similar a um filme cinematográfico: ele é subdividido em “quadros” que possuem sentido quando vistos na ordem correta.

<sup>10</sup> Grifo nosso.

Na molécula de DNA, os “quadros” correspondem às letras do código genético, [...]. Quando alguns desses quadros ou letras genéticas estão organizados em uma combinação específica, eles formam uma cena, no caso do filme, ou um gene, no caso do DNA. (Drlica, 1992:4)

Como mencionado acima, as subunidades dos filamentos do DNA, os nucleotídeos, são as bases químicas para o armazenamento de informação no DNA. De volta à analogia do rolo de filme [...], as unidades agora definidas como pares de nucleotídeos, ou pares de bases, correspondem a uma cena em uma fita cinematográfica. (Drlica, 1992:34)

Fita cinematográfica	DNA
Quadros	Letras no código genético
Cenas	Genes

Figura 4: Analogia entre fita cinematográfica e DNA.

As lexicalizações *quadro* e *cena* ocorrem em práticas idioletais de lexicalização e são empregadas aqui com propósitos didáticos. Elas também são transitórias e os lexemas não se tornam termos da linguagem das ciências biológicas. Na obra de Drlica, essa analogia contribui para o entendimento de *montagem genética*. Os genes podem ser montados em laboratório da mesma maneira que um filme pode ser montado em um estúdio. Por *montagem* entende-se o que diz Temmerman (1995) e Temmerman (1998).

### 4 Em Busca de Diretrizes Descritivas de Modelos Metafóricos

A teoria tradicional da Terminologia é coerente com um modelo objetivista da realidade. No fundamento da teoria, está a crença de que há um mundo objetivo a ser estudado de forma também objetiva. A Terminologia tradicional acredita que a linguagem deve ser controlada (padronizada) para que se assegurem a objetividade, a eficiência e uma compreensão bem definida. Por essa razão, afirma-se que lexicalizações literais são preferíveis a metaforizações. Foram mostrados aqui modelos não objetivistas de compreensão na linguagem especializada das ciências biológicas, nas quais linguagem e pensamento parecem basear-se na experiência e, o que é mais importante, nas quais a linguagem parece exercer um papel significativo no pensamento analógico, o que resulta em metaforizações.

Também foram dados exemplos que mostram que as nomeações de novas unidades de compreensão não são arbitrarias, mas motivadas. O papel dos



modelos metafóricos no processo do conhecimento influencia a nomeação dessas unidades. Novas descobertas parecem ser o resultado de uma abordagem alternativa e fora dos padrões, a qual exige uma criatividade imaginativa. O pensamento metafórico faz parte dos mecanismos que estimulam a imaginação.

Além disso, foi demonstrada a existência do modelo metafórico *informação* através das nomeações relacionadas – e coerentes entre si – às novas unidades de compreensão das ciências biológicas.

Em função disso, o que se conclui é que a disciplina teórica da Terminologia deveria desenvolver diretrizes para a descrição de modelos metafóricos (ontologias) com o intuito de ajudar terminólogos a incorporarem o aspecto da interconexão entre termos em bancos de dados terminológicos.

### 5. O Impacto no Treinamento de Tradutores de Textos Científicos

O reconhecimento de que as neolexicalizações metafóricas na Ciência podem ser elementos fundamentais no processo de uma disciplina tem implicações no treinamento de tradutores de textos científicos. Em primeiro lugar, os tradutores devem ter a consciência da diferença entre metáforas criativas e didáticas. Devem ainda aprender a distinguir entre neolexicalizações metafóricas, introduzidas por pesquisadores como parte do processo do raciocínio científico criativo, e metáforas didáticas ocasionais, introduzidas por quem escreve textos menos especializados, mas que ainda tratam do mesmo assunto. Em segundo lugar, tanto os tradutores de textos científicos, quanto os de outras disciplinas especializadas, deveriam ter contato com a teoria dos modelos metafóricos, pois ela dá suporte às categorizações e compreensões humanas (Lakoff, 1987).

Em ambos os casos, os tradutores saberão como realizar a análise de cada uma das lexicalizações metafóricas e estarão em uma posição que lhes permitirá optar pelos melhores equivalentes na língua alvo. A compreensão dos MCs metafóricos ampliará a “autonomia discursiva” (Dancette, 1995), isto é, ajudará os tradutores a entenderem o tema abordado a ponto de serem capazes de explicá-lo com suas próprias palavras. Mais importante que isso, os modelos metafóricos existem de forma independente da linguagem. A MC *informação* que está na base da compreensão da vida nas ciências biológicas pode ser expressa em qualquer língua natural que contenha palavras que se referem a quaisquer categorias relacionadas aos subdomínios de *informação*, seja “DNA é linguagem”, “DNA é atlas geográfico”, “DNA é *software*” ou “DNA é fita cinematográfica”. Compreender esse modelo metafórico dará ao tradutor a confiança necessária para expressar as informações contidas em um texto fonte em língua A para um texto alvo em língua B (Temmerman, 2000,b).

### Bibliografia

- BERG, P.; SINGER, M. *The Language of Heredity*. California: Blackwell Scientific Publications, 1992.
- BOYD, R. Metaphor and Theory Change. In: A. Ortony (ed.) *Metaphor and Thought*. London, New York: CUP, 1979.
- COOPER, N. *The Human Genome Project*. California: University Science Books, 1994.
- DANCETTE, J. *Parcours de traduction, étude expérimentale du processus de compréhension*. Lille: Presses Universitaires de Lille, 1995.
- DRLICA, K. *Understanding DNA and Gene Cloning*. New York: John Wiley and Sons, 1984.
- \_\_\_\_\_. *Understanding DNA and Gene Cloning*. New York: John Wiley and Sons, 1992.
- FELBER, H. *Terminology Manual*. Vienna: Infoterm, 1984.
- GENTNER, D. et al. Viewing Metaphor as Analogy. In: D. Helman (ed.) *Analogical Reasoning*. Kluwer Academic Publications, 171-177, (1988).
- HODSON, A. *Essential Genetics*. London: Bloomsbury, 1992.
- INDURKHYA, B. *Metaphor and Cognition: Studies in Cognitive Systems*. Dordrecht: Kluwer Academic Publishers, 1992.
- ISO/TC 37/ SC 1/CD 704.2 N 133 95 EN. (1995). *Terminology Work - Principles and Methods*.
- JONES, G. The Quiet Genius who Decoded Life. *New Scientist*, Oct. 8, 32-35, 1993.
- JOHNSON, M. *The Body in the Mind*. Chicago, London: The University of Chicago Press, 1987.
- KITTAY, E. *Metaphor: Its Cognitive Force and Linguistic Structure*. Oxford: Clarendon, 1987.
- LAKOFF, G.; JOHNSON, M. *Metaphors we Live By*. Chicago: University of Chicago Press, 1980.
- \_\_\_\_\_. *Metáforas da Vida Cotidiana*. Campinas: Mercado de Letras; São Paulo: Educ, 2002.
- LAKOFF, G. *Women, Fire and Dangerous Things*. Chicago: University of Chicago Press, 1987.
- LEVINE, J.; Suzuki, D. *The Secret of Life*. Boston: WGBH Educational Foundation, 1993.
- LIEBERT, W. *Metaphernbereiche der deutschen Alltagssprache*. Frankfurt am Main: Peter Lang, 1992.
- \_\_\_\_\_. Metaphernbereiche der virologischen Aidsforschung. *Lexicology* 1 (1), 142-82, 1995a.
- \_\_\_\_\_. The Lexicon of metaphor models as a mental tool for analogical problem solving in science. In: R. Dirven & J. Vanparijs (eds.). *Current approaches to the lexicon*. Frankfurt am Main: Peter Lang, 1995b.

- \_\_\_\_\_. Die transdiskursive Vorstellungswelt zum Aids-Virus. Heterogenität und Einheit von Textsorten im Übergang von Fachlichkeit und Nichtfachlichkeit. In: H. Kalverkämper & K.-D. Baumann (eds.). *Fachliche Textsorten*. Tübingen: Gunter Narr Verlag, 1996.
- MONTGOMERY, S. *Science in Translation*. Chicago, London: University of Chicago Press, 2000.
- NICHOLL, D. *An Introduction to Genetic Engineering*. Cambridge: Cambridge University Press, 1994.
- ORTONY, A. (ed.). *Metaphor and Thought*. London, New York: CUP, 1979.
- PAPROTTÉ, W.; DIRVEN, R. *The Ubiquity of Metaphor*. Amsterdam: John Benjamins, 1985.
- PAVEL, S. Neology and Phraseology as Terminology-in-the-Making. In: H. Sonneveld & K. Loening (eds.). *Terminology. Applications in Interdisciplinary Communication*. Amsterdam: John Benjamins, 21-34, 1993.
- SHAPIRO, R. *The Human Blueprint: the Race to Unlock the Secrets of our Genetic Script*. New York: St. Martin's Press, 1991.
- TEMMERMAN, R. The Process of Revitalisation of Old Words: "Splicing", a Case Study in the Extension of Reference. *Terminology* 2 (1), 107-128, 1995.
- \_\_\_\_\_. *Terminology Beyond Standardisation*. Language and Categorisation in the Life Sciences. PhD dissertation. Katholieke Universiteit Leuven, 1998.
- \_\_\_\_\_. *Towards New Ways in Terminology Description*. The Sociocognitive Approach. Amsterdam, Philadelphia: John Benjamins, 2000a.
- \_\_\_\_\_. Une théorie réaliste de la terminologie: le sociocognitivisme. *Terminologie Nouvelles* 21, 58-64, 2000b.
- WAY, E. *Knowledge Representation and Metaphor*. Dordrecht: Kluwer Academic Publishers, 1991.
- WILLS, C. *Exons, Introns and Talking Gene*. New York: Harper Collins, 1991.

## Os modos de conceitualização do ser vivo: Uma abordagem linguístico-cognitiva

Sylvie Vandaele<sup>1</sup>

Tradução: Joice Monticelli Furtado; Paula Fernanda Malaszkievicz

Revisão da tradução: Patrícia C. Ramos Reuillard

Revisão técnica: Maity Siqueira<sup>2</sup>

- “Como un barco temblando en mis palabras”.
- ¡Claro!
- ¿Sabes lo que has hecho, Mario?
- ¿Que?
- Una metáfora.
- Pero no vale, porque me salió de pura casualidad, no más.
- No hay imagen que no sea casual, hijo.
- [...]
- Usted cree que todo el mundo, quiero decir todo el mundo, con el viento, los mares, los árboles, las montañas, el fuego, los animales, las casas, los desiertos, las lluvias...
- ...ahora ya puedes decir «etcétera».
- ...¡los etcéteras! ¿Usted cree que el mundo entero es la metáfora de algo?<sup>3</sup>

Desde Aristóteles até os dias de hoje, a abundância de textos sobre este tema faz da metáfora um conceito visto de tantas maneiras que a apreensão de uma maneira consensual se revela um verdadeiro desafio. No que nos diz respeito, adotamos a visão de Lakoff<sup>4</sup>, segundo a qual a metáfora é um processo de pensamento expresso no discurso através de expressões metafóricas que revelam a projeção<sup>5</sup> de um *quadro conceitual fonte* (*source domain*) sobre um *quadro conceitual alvo* (*target domain*)<sup>6</sup>. Essa abordagem acentua a distinção entre a conceitualização metafórica e sua expressão linguística e o fato de que o processo metafórico constitui um dos fundamentos do pensamento humano. Ao contrário de muitos autores, Lakoff recusa qualquer característica de desvio ao fenômeno metafórico. Na linguagem comum e na cotidianidade da vida, mas também