

## IV.- CONCLUSIONES.

Como se ha mencionado en el capítulo del enfoque sincrónico, en biología molecular principalmente se emplean los índices de Kolmogorov y la entropía de Shannon para medir la *capacidad* de información de determinada secuencia de DNA.

Pueden dar un valor aproximado ya sea de la complejidad de dicha secuencia, que tan *compresible* puede ser y qué tanta información puede haber en ella (Wallace, 1999, Rissanen, 1999, Levin 1999, Gammerman 1999).

Pero no toman en cuenta el contexto en el cual se encuentra dicha secuencia o elemento a estudiar; no toman en cuenta su *posición estructural* y por lo mismo no pueden tampoco hacer una cuantificación real de su rendimiento funcional. Con estas medidas de complejidad no podemos saber si esa información es útil o no.

Al tener en cuenta las relaciones sintagmáticas y paradigmáticas para medir el grado de rendimiento funcional podemos tener una mayor aproximación sobre la calidad del contenido de información. Aún no es exacto porque seguimos midiendo *capacidad informativa*, no contenido real de información. Con el algoritmo descrito y el modelo propuesto podemos determinar qué secuencias o aminoácidos y en qué posición pueden afectar más la funcionalidad de la proteína resultante, aunque esto no mide la totalidad de la información útil en determinada secuencia.

En esta tesis se mencionaron sólo ejemplos muy sencillos en los que se determinaron sus relaciones sintagmáticas y paradigmáticas y a los cuales se les midió su contenido informativo tomando en cuenta el número de unidades a nivel superior que podían formar.

La lingüística trabaja con códigos al igual que la genética, ambas como se ha visto a lo largo de esta tesis, pueden tener ciertas equivalencias en el estudio de éstos, aunque no por esto podemos establecer ninguna generalización metodológica entre una y otra.

Como se vió, sobre todo en el enfoque diacrónico, hay diferencias entre ambas áreas. Los tipos de cambio en los sistemas y las causas que los provocan no son iguales entre ellos (en los sistemas lingüísticos intervienen causas sociales y psicológicas que no pueden encontrar analogía con los sistemas genéticos).

Hay diferencias entre ambas, pero como ambas manejan “signos”, en donde hay una interconexión entre los planos de contenido y expresión, encontramos analogías interesantes que pueden proponer métodos alternos para resolver cuestiones de biología molecular, como el que se mencionó en esta tesis; es decir, el de medir capacidad informativa.

En esta tesis se abordaron los dos principales puntos de vista de la lingüística por separado. Recientemente (Ji, 2004) se realizó un modelo computacional en el cual se hace un estudio *estructural* del genoma, pero no desde un enfoque sincrónico, sino que se toma en cuenta la dinámica del sistema.

Hay mucho que estudiar y analizar aún en este campo. Este trabajo se limitó a mostrar algunas equivalencias entre el área genética y la lingüística, y la manera en cómo desde ésta última pueden emplearse metodologías para medir contenido informativo en genética y biología molecular.

Pero no se abordaron otros temas que pueden ser de gran utilidad para estudios posteriores . Uno de ellos es el de estratos de condicionamiento, el cual sigue una metodología que toma en cuenta la determinación contextual y los estratos de condicionamiento entre los elementos del sistema, no solamente sus relaciones sintagmáticas y paradigmáticas.

La genética y la lingüística son caminos distintos, pero que quizá pueden convergir en determinados puntos. Estos contrapuntos pueden llegar a ser muy útiles; aún falta mucho por descubrir, pero al parecer la lingüística puede ofrecer herramientas para resolver ciertos problemas actuales en un área tan aparentemente diferente, como la genética y la biología molecular.

Me gustaría terminar este trabajo citando una frase que Joseph Campbell (1982) escribió hace ya varios años (sin saber la cascada de trabajos que posteriormente se harían relacionando temas lingüístico-genéticos):

*Biologists know the alphabet, but not the grammar of the genes; they can describe the surface, but not the principles that lie beneath it.*