

# LOS MARCADORES DE REFORMULACIÓN COMO LOCALIZADORES DE ZONAS DISCURSIVAS RELEVANTES EN EL DISCURSO ESPECIALIZADO<sup>1</sup>

Carme Bach Martorell (Universitat Pompeu Fabra, España)

## RESUMEN:

*BASÁNDONOS EN LA TEORÍA DE LA RELEVANCIA, EN ESTE ARTÍCULO ANALIZAMOS EL PAPEL DE LOS MARCADORES DE REFORMULACIÓN (MR) EN LA LOCALIZACIÓN DE ZONAS DISCURSIVAS RELEVANTES EN EL DISCURSO ESPECIALIZADO. CON EL ESTUDIO PRESENTADO, DEMOSTRAMOS QUE EL USO DE LOS MR PUEDE SER DE UTILIDAD PARA LA CONSTRUCCIÓN DE HERRAMIENTAS QUE PRETENDAN EL RECONOCIMIENTO AUTOMÁTICO DE LA TERMINOLOGÍA CON EL MÍNIMO ESFUERZO DE PROCESAMIENTO Y APUNTAMOS LA NECESARIA CONTINUACIÓN DE DICHO TRABAJO CON EL ESTUDIO DE LA DENSIDAD REFORMULATIVA DE LOS TEXTOS ESPECIALIZADOS Y DE LA POSIBLE INTERRELACIÓN ENTRE LA DENSIDAD TERMINOLÓGICA Y LA DENSIDAD DE TRATAMIENTO DE LA TERMINOLOGÍA.*

## PALABRAS-CLAVE:

*TEORÍA DE LA RELEVANCIA; MARCADORES DE REFORMULACIÓN; CONOCIMIENTO ESPECIALIZADO; DENSIDAD TERMINOLÓGICA; DENSIDAD DE TRATAMIENTO DE LA TERMINOLOGÍA.*

## RESUMO:

*COM BASE NA TEORIA DA RELEVÂNCIA, ANALISAMOS, NESTE ARTIGO, O PAPEL DOS MARCADORES DE REFORMULAÇÃO (MR) NA LOCALIZAÇÃO DE ZONAS DISCURSIVAS RELEVANTES NO DISCURSO ESPECIALIZADO. COM ESTE ESTUDO, DEMONSTRAMOS QUE O USO DOS MR PODE SER ÚTIL NA CONSTRUÇÃO DE FERRAMENTAS QUE PRETENDAM O RECONHECIMENTO AUTOMÁTICO DA TERMINOLOGIA COM O MÍNIMO ESFORÇO DE PROCESSAMENTO E INDICAMOS A NECESSÁRIA CONTINUIDADE DO REFERIDO TRABALHO COM O ESTUDO DA DENSIDADE REFORMULATIVA NOS TEXTOS ESPECIALIZADOS E DA POSSÍVEL INTERRELAÇÃO ENTRE A DENSIDADE TERMINOLÓGICA E A DENSIDADE DO TRATAMENTO DA TERMINOLOGIA.*

## PALAVRAS-CHAVE:

*TEORIA DA RELEVANCIA; MARCADORES DE REFORMULAÇÃO; CONHECIMENTO ESPECIALIZADO; DENSIDADE TERMINOLÓGICA; DENSIDADE DE TRATAMENTO DA TERMINOLOGIA.*

## 1. INTRODUCCIÓN

El papel de la terminología es esencial en campos como la traducción especializada, el estudio del discurso intradisciplinar —entendido como “discourse within specific professions” (LINELL, 1998)— o la recuperación de información. Cualquier herramienta que aspire a recuperar eficientemente información de carácter especializado requiere un entrenamiento previo a partir del cual sea capaz de reconocer la estructura de conocimiento que subyace en los textos. Para ello es necesario el estudio de la estructuración del discurso especializado, no sólo a nivel de su organización conceptual sino también retórica, que es la que permite vehicular la información organizada a recuperar.

*A medida que un aprendiz se va convirtiendo en experto, lo que adquiere no son simplemente conceptos abstractos o patrones lingüísticos, sino también prácticas retóricas de razonamiento empírico y formas de persuasión propias de la disciplina. (LÓPEZ, C., 2002)*

De entre los mecanismos pragmático-discursivos de la retórica especializada, en este artículo nos fijamos en los marcadores discursivos de reformulación (MR), elementos procedimentales que se utilizan como pistas ostensivas para una correcta decodificación de la información en los textos especializados (WILSON y SPERBER, 1993). Defendemos que es necesaria su consideración para el estudio de la estructura de conocimiento de los textos de especialidad y abogamos para sean tenidos en cuenta por cualquier herramienta que pretenda representar semiautomáticamente el contenido especializado de los textos.

En primer lugar, expondremos la visión de la Teoría de la Relevancia sobre la utilidad de los MR y destacaremos la aplicación del estudio de los MR al estudio del discurso especializado.

En segundo lugar, señalaremos gráficamente en un texto de especialidad los términos detectados y los marcadores discursivos de reformulación, de modo que se muestre la relación entre marcadores y términos a lo largo del texto.

A continuación analizaremos el texto en relación tanto a las marcas de relevancia que presenta como a los términos presentes en él y expondremos las conclusiones a las que hemos llegado.

## 2. LOS MARCADORES DE REFORMULACIÓN EN LA TEORÍA DE LA RELEVANCIA

Según la Teoría de la Relevancia, los enunciados deberían entenderse como el resultado de un proceso cognitivo basado en el binomio ostensión/inferencia por oposición a la teoría clásica de la comunicación —que gira en torno a los conceptos codificación/decodificación de la información. Un determinado hecho lingüístico es relevante para un individuo si el fenómeno que pone de manifiesto es relevante para su entorno cognitivo, siempre y cuando el coste del proceso de la información relevante sea mínimo.

*El entorno cognitivo total de un individuo es un compendio de su entorno físico y de su capacidad cognitiva. No se compone tan sólo de los hechos de los que es consciente, sino también de todos los hechos de los que puede llegar a ser consciente en su entorno físico.* (SPERBER y WILSON, 1994: 55)

*Desde un punto de vista relevantista, la nota fundamental de la ostensión lingüística es que capta de manera intencionada la selectiva atención del oyente y la enfoca sobre una determinada secuencia de información.* (BONILLA, 2001)

Algunas aproximaciones sobre el estudio de los conectores discursivos han analizado estas piezas léxicas como marcas de relevancia en el discurso. (BROCKWAY, 1982; BLAKEMORE, 1987, 1992, 2001; BONILLA, 2001; PORTOLÉS, 1998; MOESCHLER, 1993 y BACH, 2001)

*(...) certain conversational routines need to be monitored by specific discourse devices, in order to guide the interpretation process in the most efficient way. Connectives in conversation have precisely this function.* (MOESCHLER, 1993: 168)

En relación con los marcadores de reformulación sobre los que centramos nuestro interés en este artículo, podemos postular que son marcas claras de relevancia en el discurso:

*Indeed, according to relevance theory, the identification of an utterance as a reformulation follows from an aspect of interpretation which is fundamental to the way in which the relevance of all utterances is established.* (BLAKEMORE, 2001: 112)

La reformulación es un proceso de reinterpretación textual, mediante el cual un locutor determinado retoma algún elemento discursivo anterior para presentarlo de otra forma y con una función discursiva determinada. En realidad, la reformulación es una operación de autoreflexión sobre la lengua, y una muestra clara de la función metacomunicativa del lenguaje. De hecho, los manuales de retórica clásica hablan ya de esta operación lingüístico-cognitiva como una de las estrategias comunicativas y persuasivas más importantes.

La reformulación garantiza la cohesión textual y, a su vez, facilita la progresión discursiva, de un lado porque permite la resolución de los posibles defectos comunicativos de un texto y, de otro, porque permite puntualizar el significado de algunos enunciados presentados anteriormente.

Tal y como señala BONILLA (2001) “tanto en el discurso divulgativo de la comunicación científica en particular, como en cualquier modalidad de transmisión del conocimiento en general, la reformulación quizá sea una de las operaciones retóricas básicas por excelencia. Sin ninguna duda, la operación reformulativa se aplica a los núcleos temáticos más importantes del discurso, de tal suerte, que puede predecirse, a modo de expectativa interpretativa, que donde aparezca una marca ostensiva de reformulación se localiza la información discursiva más relevante (la que aporta información que refuta, confirma o enriquece conocimientos previos)”.

La reformulación textual puede establecerse a partir de un amplio conjunto de mecanismos, que de ahora en adelante llamaremos “marcadores de reformulación” (en el apartado siguiente —metodología— apuntamos la lista de marcadores de reformulación que hemos considerado para este trabajo): la forma sintáctica —en los textos escritos, la pausa discursiva —en los orales, la repetición léxica, la utilización de verbos que indican una clara referencia metalingüística, y el uso de conectores reformulativos.

## 3. METODOLOGÍA

En este trabajo pretendemos validar la hipótesis según la cual los MR son útiles para la localización efectiva de la información especializada que el productor considera más relevante. Más a largo plazo, pretendemos mostrar la necesaria consideración de los MR en el diseño de una herramienta que pretenda recuperar semiautomáticamente la estructura de conocimiento de un texto especializado.<sup>2</sup>

Para poder validar dicha hipótesis, analizaremos un capítulo de un documento especializado de carácter expositivo, concretamente de un manual universitario (OLIVIA, R. (1996) *Genoma humano*. Masson: Barcelona), incluido en el Banco de Conocimiento GENOMA, material de base para los análisis realizados para el proyecto TEXTERM. El motivo de la elección del género manual para el análisis es que la información especializada a recuperar se presenta de forma explícita, hecho que facilita enormemente la recuperación de la información especializada que contiene:

*Que un discurso esté orientado fundamentalmente a proporcionar información implica que se use el lenguaje con una función referencial —que se centre en el objeto tratado— y que predomine sustancialmente sobre las demás funciones (expresiva, directiva, argumentativa o fática).* (CALSAMIGLIA y TUSON, 1999: 307)

Para llevar a cabo el trabajo, hemos anotado los marcadores de reformulación y los términos presentes en el capítulo analizado del manual escogido y hemos puesto en relación ambos marcajes para estudiar la relación existente entre los términos y los marcadores que éstos llevan asociados a lo largo de todo el texto.

La metodología seguida para llevar a cabo el estudio que presentamos en este artículo se divide en cuatro fases:

- a) Búsqueda de los marcadores de reformulación más relevantes en el texto seleccionado,<sup>3</sup> mediante la interfaz de explotación del corpus técnico del IULA (bwanaNet).<sup>4</sup>

El listado de MR buscados y posteriormente anotados en el texto está compuesto por marcadores que vehiculan un proceso de reinterpretación textual mediante el cual un locutor determinado retoma algún elemento discursivo anterior y lo presenta de otro modo. Entre la lista de los MR utilizados para el estudio, encontramos verbos (*aludir, definir, designar, llamar o sobreentender*), verbos que rigen preposición (*conocer como, definir como, entender por, entender como, referirse a*), sintagmas verbales (*querer decir, recibir el nombre de*), conjunciones (*o*), conectores con distintos niveles de gramaticalización (*es decir, esto es, p. ej.*) y elementos propiamente tipográficos (*comillas, paréntesis*).

La detección de estos marcadores de reformulación en el texto ha permitido anotarlos gráficamente en el documento que se va a estudiar.

- b) Procesamiento del documento escogido con la herramienta *Mercedes* (desarrollada por el grupo IULATERM), sistema de reconocimiento de unidades terminológicas nominales a partir de un diccionario de términos de un dominio determinado (en nuestro caso hemos utilizado el glosario de genoma del cuál dispone la herramienta).

Este sistema detecta en el texto todas las unidades terminológicas nominales que aparecen en su diccionario de referencia y las marca dentro del texto donde aparecen.

- c) Solapamiento gráfico de ambos resultados. De la anotación, tanto de los marcadores como de las unidades terminológicas nominales detectadas por *Mercedes*, hemos obtenido un nuevo documento con el marcaje de ambos tipos de informaciones.

- d) Observación de la relación existente entre los marcadores de reformulación y los términos detectados. A partir de dicha información hemos realizado el análisis de los datos que presentamos en el siguiente apartado.

#### 4. ANÁLISIS DE LOS DATOS

Tal como hemos mencionado en el apartado anterior, la anotación de los MR (215 ocurrencias en total) y de las UT detectadas por la herramienta *Mercedes* (2224) permite analizar la relación que se establece entre ambos.

Los ejemplos que ofrecemos a continuación deben leerse como sigue:

En color **verde** se marcan las unidades terminológicas detectadas por la herramienta *Mercedes*.

En color **rojo** se marcan los MR.

En primer lugar, observamos que algunos de los MR detectados en el texto marcan la relevancia de los términos ya detectados por la herramienta *Mercedes*, como *a priori* sería de esperar, ya que el especialista es el que domina la estructuración del conocimiento en su área, el que sabe qué términos están consensuados entre sus colegas y, por tanto, quién los utiliza.

La palabra «**genoma**» contiene la raíz griega **gen**, que significa origen, y la extensión también griega **oma** empleada en sustantivos del vocabulario biológico y médico.

El conjunto de **cromosomas metafásicos** de una **célula** se **denomina cariotipo** (fig. , 1-1).

Durante la **división celular**, los **cromosomas** forman **estructuras** típicas observables por microscopía óptica que en su conjunto **se denomina cariotipo**.

En segundo lugar, observamos algunos casos en que, aunque los MR señalen la relevancia de algunos términos detectados por *Mercedes*, se manifiesta también en el texto la “especificación terminológica” del término originalmente referenciado en el diccionario de la herramienta. La especificación se produce a nivel de expansión formal del término, que en la mayoría de los casos es una unidad terminológica poliléxica, no referenciada en *Mercedes*.

Para ejemplificar estos casos, hemos marcado las expansiones del término en color azul, junto a la base terminológica originariamente detectada por *Mercedes*, marcada en color verde:

Normalmente **se sobrentiende por gen** una **secuencia de DNA** con todos sus elementos reguladores.

El Genoma Humano está compuesto por 23 pares de **moléculas** de DNA contenidas en **estructuras llamadas cromosomas**, que se localizan en el **núcleo** de la **célula (genoma nuclear)**, y por una pequeña molécula de DNA circular contenida en un órgano de la **célula denominado mitocondria (genoma mitocondrial)**.

La **localización** cromosómica del **gen** causante de una **enfermedad** hereditaria mediante **análisis de ligamiento** (cuando no se tienen más datos que el propio **fenotipo** de la **enfermedad**) se realiza por tanteo.

Este fenómeno que hemos denominado “especificación terminológica” es dinámico en el sentido en que se produce en el texto y nunca puede darse en los diccionarios, entes estáticos depositarios de la terminología (o al menos no puede producirse sincrónicamente, aunque; sí diacrónicamente a través de las reediciones futuras del diccionario en cuestión).

La especificación es justamente una de las funciones básicas de la reformulación, tal como indican Gülich y Kotschi:

*Paraphrases need to be subdivided even further: the paraphrase type of expansion is broken down into specification and explication, while the paraphrase type of reduction is subdivided into résumé and denomination. This takes account of cases where paraphrases are used to introduce new aspects, to define an abstract concept, to make a summary, or to find a conceptualising expression for some complex matter. (GÜLICH y KOTSCHI, 1995: 7)*

En tercer lugar, los MR manifiestan la relevancia de ciertos términos no incluidos en el diccionario utilizado por *Mercedes* (a) por ser siglas, (b) por ser términos de carácter verbal no detectados por la herramienta que hemos usado o (c) por no haber sido documentados con anterioridad en ninguno de los glosarios sobre genoma que tienen implementada la herramienta *Mercedes*.<sup>5</sup>

**Cromosoma metafásico** visualizado mediante microscopía electrónica al que se le han quitado las **histonas** que normalmente **organizan o empaquetan el DNA** (1.1.31.1)

**Proceso de traducción o síntesis proteica** a partir de la información contenida en el mRNA (1.2.14.1)

Como un ejemplo de este **tipo** cabe mencionar una **región** secuenciada de 680 kb., que contiene los **genes del complejo mayor de histocompatibilidad (MHC o HLA)** localizados en xxx en una **banda** Giemsa-negativa y donde la **densidad** génica es de 1 gen por cada 19 kb. (1.2.32.1)

Finalmente, creemos que es muy interesante observar que la distribución de los MR a lo largo del texto no es uniforme. Vemos que hay una mayor presencia de marcadores en la primera parte del documento, que corresponde al primer capítulo del manual titulado “Composición del genoma humano”. Consideramos que es probable que el autor del manual haya querido llamar la atención de sus receptores acerca de la terminología básica que va a usarse en el documento y que por ello en este primer capítulo marque de forma relevante las nociones que quiere comunicar.

En el anexo a este artículo puede verse una muestra del documento analizado para este trabajo, con los MR y los términos resaltados, que incluye además información sobre el número de términos, el número de marcadores, la densidad terminológica de las distintas partes estructurales del texto, el número de candidatos a término finalmente encontrados gracias a los MR y el número de modificaciones de términos previamente reconocidos por la herramienta *Mercedes*.

## 5. CONCLUSIONES

A modo de conclusión, el análisis realizado demuestra que el uso de los MR puede ser de gran utilidad para la construcción de herramientas que pretendan el reconocimiento automático de la terminología con el mínimo esfuerzo de procesamiento y, a su vez, la construcción de la estructura conceptual de los documentos de especialidad a partir de la densidad terminológica de los textos.

Finalmente queremos señalar la necesaria continuación de este trabajo en la construcción de una herramienta que mida la densidad reformulativa a lo largo de los textos de especialidad y la relacione con la densidad terminológica, a partir de la hipótesis de que existe una relación entre la densidad de reformulación de un texto y la densidad terminológica del mismo.

En un futuro próximo, nos proponemos analizar la relación entre la densidad terminológica de los textos (calculada actualmente por la herramienta *Mercedes* —ver gráfico 1) y la densidad de la relevancia informativa, que podría calcularse a través de los MR.

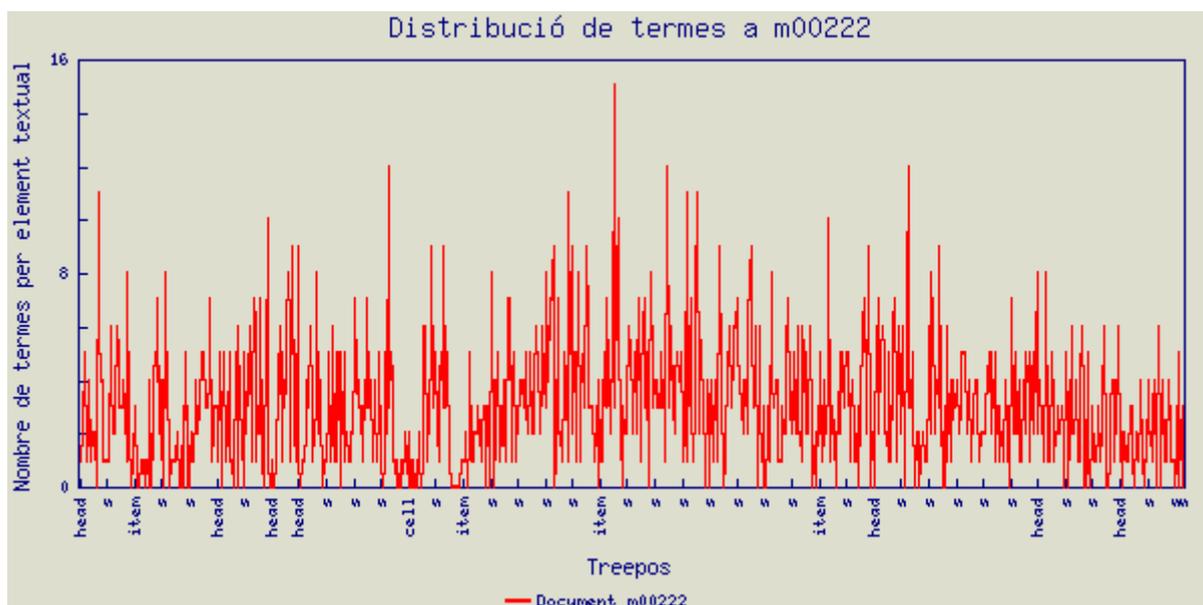


Gráfico 1 (proporcionado por la herramienta *Mercedes*)

Creemos que la comprobación de dicha relación permitiría demostrar que la reformulación terminológica es un elemento que debe tenerse en cuenta para el estudio de la estructuración y transmisión del conocimiento especializado y también en la detección de las zonas terminológicas de relevancia en los textos para facilitar la representación automática del contenido especializado. Podría incluso hablarse del grado de relevancia de las relaciones establecidas por los MR “que podría medirse a partir de la mayor o menor imbricación (intrínseca o extrínseca) en relación con el núcleo central” (CABRÉ, 2002: 96).

De confirmarse esta hipótesis, creemos que podría revisitarse la noción de “densidad terminológica” de modo que no se considere únicamente el número de términos que aparecen en un texto para su cálculo (DOMÈNECH, 1998) sino también la densidad de tratamiento que dichos términos reciben.<sup>6</sup>

**NOTAS:**

1. Este artículo se ha desarrollado en el marco del proyecto TEXTERM: Textos especializados y terminología: selección y recuperación automática de la información (BFF2000-0841), financiado por el Ministerio de Educación y Cultura, cuyo investigadora principal es la Dra. M. Teresa Cabré Castellví.
2. Éste es uno de los objetivos aplicados del proyecto de investigación *Fundamentos, estrategias y herramientas para el procesamiento y extracción automáticos de información especializada (TEXTERMII)*. Núm. BFF2003-2111, dirigido por la Dra. M. Teresa Cabré.
3. La lista de marcadores de reformulación relevantes parte de un estudio anterior realizado con otros miembros del grupo de Investigación IULATERM; BACH, C.; FREIXA, J. y SUÁREZ, M. (2003), aunque ha sido ampliada para este artículo.
4. Esta herramienta es de uso público y puede utilizarse desde la dirección <http://brangaene.upf.es/bwananet/index.htm>
5. Creemos muy importante destacar que dichos términos han sido marcados según nuestro criterio lingüístico-terminológico, que es uno de los perfiles posibles de los usuarios de la terminología. Sería necesario consultar especialistas de diversos perfiles para ver qué secuencias de entre las marcadas como relevantes son consideradas terminológicas.
6. GÜLICH i KOTSCHI (1995: 39) hablan de *treating expressions* para referirse a las operaciones de reformulación del discurso.

**ABSTRACT:**

*IN THIS ARTICLE, THE ROLE OF REFORMULATION MARKERS (RM) IN LOCALIZING RELEVANT DISCURSIVE AREAS IN SPECIALIZED DISCOURSE IS ANALYZED BASED ON THE RELEVANCE THEORY AS THE STARTING POINT.*

*IN THIS STUDY, WE PROVE THE USAGE OF RM TO BE USEFUL FOR THE CONSTRUCTION OF SEMIAUTOMATIC TOOLS AIMED AT RECOGNIZING TERMINOLOGY WITH A MINIMUM PROCESSING EFFORT. WE ALSO POINT OUT THE NEED OF CONTINUING WITH THIS RESEARCH AS A NEXT STEP, FOCUSING ON THE ANALYSIS OF REFORMULATIVE DENSITY IN SPECIALIZED TEXTS AND THE STUDY OF A POSSIBLY INTERRELATION BETWEEN TERMINOLOGICAL DENSITY AND THE DENSITY OF TERMINOLOGICAL TREATMENT.*

**KEYWORDS:**

*RELEVANCE THEORY; REFORMULATION MARKERS; SPECIALIZED KNOWLEDGE; TERMINOLOGICAL DENSITY, DENSITY OF TERMINOLOGICAL TREATMENT.*

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS:

Bach, Carme. Els connectors reformulatius catalans: Anàlisi i proposta d'aplicació lexicogràfica. Tesis doctoral dirigida por M. Teresa Cabré y Lluís Payrató – Universitat Pompeu Fabra: Barcelona, 2001. [Versión en CD: Barcelona: Institut Universitari de Lingüística Aplicada, Universitat Pompeu Fabra. Serie Tesis, 6. 2004].

Bach, Carme; Freixa, Judit; Suárez, Mercedes. Equivalencia conceptual y reformulación parafrástica en terminología. En Correia, M. (ed.). *Terminologia e industria de língua*. Lisboa: ILTEC, 2003, p. 173-184.

Blakemore, D. Relevance and coherence: discourse connectives. En Blakemore, D. *Semantic constraints on relevance*. Oxford: Basil Blackwell, 1987, p. 105-144.

Blakemore, D. *Understanding utterances. An introduction to Pragmatics*. Oxford: Basil Blackwell, 1992.

Blakemore, D. Discourse and Relevance Theory. En Schiffrin, D., Tanen, D. y Halton, H. E. (ed.). *The handbook of Discourse Analysis*. Oxford: Blackwell Publishers, 2001, p. 100-118.

Bonilla, S. Marcas de relevancia en el discurso oral de la comunicación científica. En De Bustos Tovar, J. J. y Charedau, P. (ed.). *Lengua, discurso, texto*. Madrid: Visor Libros, 2001.

Brockway, D. Connecteurs pragmatiques et principe de pertinence. *Langages*, v. 67, 1982, p. 7-22.

Cabré, Maria Teresa. Análisis textual y terminología, factores de actuación de la competencia cognitiva en la traducción. En Alcina, A. y Gamero, S. (ed.). *La traducción científico-técnica y la terminología en la sociedad de la información*. Universitat Jaume I: Castellón de la Plana, 2002, p. 87-106.

Calsamiglia, H. y Tusón, A. *Las cosas del decir. Manual de análisis del discurso*. Barcelona: Ariel, 1999.

Domènech, M. *Unitats de coneixement i textos especialitzats. Primera proposta d'anàlisi*. Treball de recerca. Barcelona: Institut Universitari de Lingüística Aplicada, Universitat Pompeu Fabra, 1998.

Gülich, E. y Kotschi, T. Discourse production in oral communication. En Quasthoff, U. M. (ed.). *Aspects of oral communication, Research in text theory*. Berlín-Nueva York: Walter de Gruyter, 1995, p. 30-66.

Linell, P. Discourse across boundaries: On recontextualizations and the blending voices in professional discourse. *Text, an interdisciplinary journal for the study of discourse*, v. 18, n. 2, 1998, p. 143-157.

López, C. Aproximación al análisis de los discursos profesionales. *Signos*, v. 35, n. 51-52, 2002, p. 195-215.

Moeschler, J. Relevance and conversation. *Lingua*, v. 90, 1993, p. 149-171.

Portolés, J. *Marcadores del discurso*. Barcelona: Ariel, 1998.

Sperber, D. y Wilson, D. *La relevancia*. Madrid: Visor, 1994. [Original inglés: *Relevance*. Oxford: Blackwell, 1986.]

Wilson, D. y Sperber, D. Linguistic form and relevance. *Lingua*, v. 90, 1993, p. 1-25.

## ANEXO

Elemento textual	Posición	Texto	# términos detectados	#MR	# terminos finales	# cambios	Densidad terminológica
head	1.1.1	COMPOSICIÓN DEL <b>GENOMA</b> HUMANO	1	0	1	0	0.50
head	1.1.2	DEFINICIÓN DEL <b>GENOMA</b> HUMANO	1	0			0.50
s	1.1.3.1	La palabra « <b>genoma</b> » contiene la raíz griega <b>gen</b> , que significa origen, y la extensión también griega oma empleada en sustantivos del vocabulario biológico y médico.	2	1	2	0	0.25
s	1.1.3.2	El término « <b>gen</b> » aplicado a la <b>herencia</b> fue acuñado por Johansen en 1909 para designar a las <b>unidades de herencia</b> asociadas a un <b>carácter</b> transmisible específico.	5	1	5	0	0.71
s	1.1.3.3	Previamente, los <b>genes habían sido designados</b> como « <b>elementos</b> » por Mendel (1866) , gemmules por Darwin (1868) , « <b>pangenes</b> » por De Vries (1889) , « <b>unidades fisiológicas</b> » por Spencer (1864) , o simplemente « <b>carácter unidad</b> », « <b>factor unidad</b> » o « <b>factor</b> ».	5	9	10	2	0.36
s	1.1.3.4	El concepto de <b>gen</b> ha ido cambiando a medida que se ha avanzado en su conocimiento.	1	0	1	0	0.25
s	1.1.3.5	Una de las definiciones actuales más amplia de <b>gen</b> sería:«secuencia de información que produce un <b>producto</b> funcional».	2	1	2	0	0.50
s	1.1.3.6	Normalmente <b>se sobrentiende por gen</b> una <b>secuencia de DNA</b> con todos sus elementos reguladores de la <b>transcripción</b> que da lugar a una <b>proteína</b> o a un <b>RNA</b> .	4	2	6	1	0.50
s	1.1.3.7	En el capítulo 2 se analizará con mayor detalle el concepto de <b>gen</b>	1	0	1	0	0.25

s	1.1.3.8	« <b>Genoma</b> » puede <b>definirse</b> como el contenido total de material genético característico de un <b>organismo</b> .	2	2	2	0	0.67
s	1.1.3.9	También se utiliza el término para indicar el <b>material genético</b> presente en <b>virus</b> .	2	0	2	0	0.67
head	1.1.4	<b>GENOMA NUCLEAR Y GENOMA MITOCONDRIAL</b>	2	0	2	0	1.00
head	1.1.5	<b>NOMENCLATURA DE LOS CROMOSOMAS</b>	0	0	0	0	0
s	1.1.6.1	El Genoma Humano está compuesto por 23 pares de <b>moléculas</b> de DNA contenidas en <b>estructuras llamadas cromosomas</b> , que se localizan en el <b>núcleo</b> de la <b>célula (genoma nuclear)</b> , y por una pequeña molécula de DNA circular contenida en un órgano de la <b>célula denominado mitocondria (genoma mitocondrial)</b>	11	4	12	1	0.79
s	1.1.6.2	Cuando las <b>células</b> se dividen por <b>mitosis</b> , los <b>cromosomas</b> se condensan, haciéndose visibles con el <b>microscopio</b> óptico y apareciendo como unidades discretas.	6	0	6	0	1
s	1.1.6.3	El conjunto de <b>cromosomas metafásicos</b> de una <b>célula</b> se <b>denomina cariotipo</b> (fig. , 1-1) .	4	2	4	0	0.80
s	1.1.7.1	El <b>genoma</b> nuclear está formado por 22 pares de <b>cromosomas</b> autosómicos y por los <b>cromosomas sexuales designados X e Y</b> .	4	1	6	0	1
s	1.1.7.2	Los <b>cromosomas</b> autosómicos se enumeran según su tamaño:	1	0	1	0	0.50
s	1.1.7.3	el <b>cromosoma</b> más grande es el 1 , el siguiente en tamaño decreciente es el 2 y así sucesivamente.	1	0	1	0	1.00
s	1.1.7.4	Una excepción es la del <b>cromosoma</b> más pequeño, que es el 21 en lugar del 22 .	1	0	1	0	0.33
s	1.1.7.5	Esta excepción se debe al hecho de que inicialmente se pensó que el <b>cromosoma</b> 22 era el más pequeño, y aunque actualmente se sabe que esto no es así, la nomenclatura se ha mantenido.	1	0	1	0	0.20

head	1.1.8.1	Representación esquemática de un <b>cariotipo</b> humano	1	0	1	0	0.50
s	1.1.9.1	A efectos de claridad solamente se ha representado uno de los dos <b>cromosomas homólogos</b> de cada <b>autosoma</b> existentes en una <b>célula</b> diploide en metafase.	6	0	6	0	1
s	1.1.10.1	Cada <b>cromosoma</b> tiene una <b>constricción central denominada centrómero</b> que divide al <b>cromosoma</b> en dos brazos, <b>designados «p»</b> (para el brazo pequeño) y <b>«q»</b> (para el brazo grande; <b>«q»</b> sigue a <b>«p»</b> en el alfabeto).	4	8	5	1	0.50
S	1.1.10.2	Mediante distintas tinciones es posible subdividir los brazos en <b>bandas</b> con niveles crecientes de <b>resolución</b> .	2	0	2	0	0.40
S	1.1.10.3	Estas <b>bandas</b> se designan con números, empezando por la <b>banda</b> más centromérica.	2	0	2	0	0.67

Carme Bach es doctora en lingüística por la Universitat Pompeu Fabra y licenciada en Filología Catalana por la Universitat de Barcelona. Es investigadora del grupo IULATERM, grupo de investigación consolidado en la Universitat Pompeu Fabra (Barcelona, España).

Su investigación se concentra en análisis del discurso general y especializado, en la lingüística de corpus y la lexicografía. Entre sus publicaciones, destaca su tesis doctoral sobre conectores de reformulación, que incluye un prototipo de implementación lexicográfica para estas unidades léxicas, así como numerosos artículos sobre conectores, reformulación y la importancia de los procesos reformulativos en la construcción de discurso especializado.