

Afor_pronos. Octubre 23.

Lecciones e interpretaciones a partir de los aforismos de Jorge Wagensberg junto a los pronósticos climatológicos de la última semana de octubre de 2023

Afor_pronos. Octubre 23 / Readings and interpretations based on Jorge Wagensberg's aphorisms along with the weather forecasts for the last week of October 2023

ELOI PUIG

Artista Plástico y docente en la Universidad de Barcelona, España.

Resumen

Este ensayo visual pretende activar diferentes sentencias y procesarlas a partir de un *software* que compara cadenas de ADN, es decir, las sometemos al proceso bioinformático de la "Alineación de secuencias". Las sentencias procesadas provienen de los aforismos de Jorge Wagensberg y de los resultados obtenidos del pronóstico ambiental a través de la pagina <https://weather.com> (IBM).

Mi interés se centra en la confrontación de esta distinta naturaleza textual junto a su procesamiento a partir de otro filtraje que tiene una única función específica para su uso en bioinformática, basada exclusivamente para ser utilizada con los códigos-textuales del ADN y que no coinciden con los códigos gramaticales del idioma español. Esa confrontación de diferentes naturalezas son las que dirigen el discurso del ensayo visual.

PALABRAS CLAVE: Codificación, Alineamiento de secuencias, Investigación artística, Aforismos y pronósticos.

Artículo original
Original Article

Correspondencia/
Correspondence
Eloi Puig
puigme@ub.edu

Financiación/Fundings
Sin financiación

Received: 29.10.2023

Accepted: 19.12.2023

CÓMO CITAR ESTE TRABAJO / HOW TO CITE THIS PAPER

Puig, E. (2023). Afor_pronos. Octubre 23. Lecturas e interpretaciones a partir de los aforismos de Jorge Wagensberg junto a los pronósticos climatológicos de la última semana de octubre de 2023. *Umática. Revista sobre Creación y Análisis de la Imagen*, 6.

<https://doi.org/10.24310/Umatica.2023.v5i6.17814>

Umática. 2023; 6. <https://doi.org/10.24310/Umatica.2023.v5i6.17814>

Afor_pronos. Octubre 23 / Readings and interpretations based on Jorge Wagensberg's aphorisms along with the weather forecasts for the last week of October 2023

ELOI PUIG

Plastic Artist and professor at the University of Barcelona, Spain.

Abstract

This visual essay aims to activate different sentences and process them from a *software* that compares DNA chains, that is to say, we submit them to the bioinformatic process of "Sequence Alignment". The sentences processed come from the aphorisms of Jorge Wagensberg and the results obtained from the environmental forecast through the page <https://weather.com> (IBM).

My interest focuses on the confrontation of this different textual nature together with its processing from another filter that has a single specific function for use in bioinformatics, based exclusively to be used with the textual-codes of DNA and that do not coincide with the grammatical codes of the Spanish language. This confrontation of different natures is what directs the discourse of the visual essay.

KEY WORDS: Coding, Alignment of sequences, Artistic research, Aphorisms and prognoses.

Summary – Sumario

Presentación

Reflexiones externas

Aclaraciones internas

La no distinción de diferentes lenguajes, el bioinformático, el gramatical, el atmosférico-ambiental genera un impacto sin sentido aparente, aunque sí aparece una evidente correspondencia entre diferentes caracteres que podría ser sujeto de un análisis posterior. No nos interesa en este ensayo abordar este análisis sino evidenciar el choque de naturalezas.

Presentación

Para la activación textual partimos de tres elementos de naturalezas diferentes:

1. Primeramente y de manera principal nos basamos en un proceso que la bioinformática ha denominado "Alineamiento de secuencias" y es una forma de representar y comparar dos o más secuencias o cadenas de ADN para resaltar sus zonas de similitud, que podrían indicar relaciones funcionales o evolutivas entre los genes o proteínas consultados.

Los dos siguientes elementos de la activación son los que utilizaremos como elementos para ser procesados por el "Alineamiento de secuencias":

2. Utilizaremos 10 aforismos del divulgador científico y "pensador de preguntas" Jorge Wagensberg de su libro del año 2002 "Si la naturaleza es la respuesta, ¿cuál era la pregunta?".

3. El segundo elemento a procesar-comparar es el resultado textual de los pronósticos climatológicos de los 7 últimos días de octubre del año 2023, que coinciden con los días en los que se redactó este ensayo. Estos textos se obtuvieron del sitio web <https://weather.com>.

Comparar, confrontar, relacionar, enfrentar siempre son verbos que necesitan de una multiplicidad para que tengan sentido. Aunque también podríamos observar la comparación de un elemento con sí mismo, pero, por lo general, necesitamos de una mínima multiplicidad. Lo que aquí nos concierne en su estudio es el carácter de la comparación y sus correspondientes sinónimos. Nos interesa comparar naturalezas distintas, aparentemente contradictorias, con el objetivo de generar nuevos horizontes, de la misma manera en que el collage supo encontrar su momento y su contexto para generar nuevas vías comunicativas.

Afor-pronos utiliza como materia prima el texto, pero podríamos decir, que más bien nos interesa los caracteres, las letras de esos textos, ya que con la función de ser comparados se les desnuda de todo significado, solo nos interesa el significante.

Serán pues estos textos sin significado los que serán usados para generar otros nuevos, serán filtrados por un analizador de caracteres, una revisión que busca similitudes para destacarlos. Para ello, entra en acción el "Alineamiento de secuencias", un programa informático creado para comparar las largas codificaciones de las cadenas de ADN.

El resultado visual varía según el programa de alineamiento usado, así pues, en este ensayo veremos dos maneras de visualizar las comparaciones.

Seguidamente se muestran 7 resultados de las comparaciones a partir de los tres elementos anteriormente descritos.

Alignment type: Protein alignment

Matrix: EBL0SUM62
 Gap penalty: 2.0
 Extend penalty: 2.0
 Score: 66.0
 Sequence 1 length:67
 Sequence 2 length:63
 Alignment length: 92
 Identity: 19/92 (20.65%)
 Similarity: 29/92 (31.52%)
 Gaps: 54/92 (58.70%)

```

1  -- -nO existe -la probabIlidad -de -u-n 26
      |
1  sabadO -2-1-. 38- -v-----Iento: no8 km/h. 17
      |
27 - suC-EsO que Ya ha OcuRrido N-i -l----A 51
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
18 - --CiELO -m-aY-----O--R-m-e-Nte despejA 39
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
52 info-rMAcIon DE un suC----E-so- que aun 78
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
40 d--O. MAXIma DE 38 --C. viEntOs -dE-l-- 60
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
79 NO ha ocurRI-d-o. 90
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
61 NO -y -v-aRIable. 71
    
```

1_Afor-pronos:probabilidad-sábado

Alignment type: Protein alignment

Matrix: EBL0SUM62
 Gap penalty: 2.0
 Extend penalty: 2.0
 Score: 49.0
 Sequence 1 length:41
 Sequence 2 length:59
 Alignment length: 62
 Identity: 16/62 (25.81%)
 Similarity: 25/62 (40.32%)
 Gaps: 24/62 (38.71%)

```

D----- . --E-s-- -po-s-i-b-le --el-e-g-ir e-l
|          || | . | . | . . . . | || . . . | . | .
Domingo 22. viento: ONO 10 km/h. Cielo mayorment
    
```

Alignment type: Protein alignment

Matrix: EBL0SUM62
 Gap penalty: 2.0
 Extend penalty: 2.0
 Score: 78.0
 Sequence 1 length:126
 Sequence 2 length:62
 Alignment length: 132
 Identity: 27/132 (20.45%)
 Similarity: 38/132 (28.79%)
 Gaps: 76/132 (57.58%)

```

1  Los sEreS vivos son -tExTos (geNOmas)           29
   | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
1  L-u-nE--S -2-3. 40- viEntO: ---NO-12           13

30 distintos, esCrI-tos todos EN El miS-m--O      60
   | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
14 -k-m-/-h-. --C-Ielo- mayOrmEntE-deSpejado      40

61 ---idIOMA (coDigo genetico) Con un alfabe      91
   | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
41 . maxI-MA ---D-e- -4-0----- C-. -v-i-----E  52

92 -TO- DE- cuatro lEtras (bAses) y un            115
   | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
53 nTOs DEL -n----O dE- 10 --A----- -1-5        64

116 diccionario de Unas vEinte pAlabras           146
   | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
65 -k-m-/-h-. -h-U-m--E-d---A-d:45%              75

```

3_Afor-pronos: seres-lunes

```

- -esp--acio, imposible elegir el tiempo.
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
e despeja-do. -M-axi-ma -de--- 39 -C-----

```

2_Afor-pronos: posible-domingo

Alignment type: Protein alignment

Matrix: EBLOSUM62
 Gap penalty: 2.0
 Extend penalty: 2.0
 Score: 104.0
 Sequence 1 length:98
 Sequence 2 length:64
 Alignment length: 113
 Identity: 31/113 (27.43%)
 Similarity: 38/113 (33.63%)
 Gaps: 64/113 (56.64%)

```

1 un Manual minimo -de -I-NsTruccio--Nes para 33
      |||
1 -- MARtes -2-4-. 38 vIeN-T-----O: N-o -1-3 20

21 vivir -dEbe pA--R-E-cE-r-S-E A-l- genoMA DE 48
      | | | | |
34 km/h. ciElo mAyoRmEntE deSpEjAdo. maxiMA DE 68

49 cierta baCterIa, uN TextO- DE- uNOs po cos 81
      | | | | |
69 -3-8-- --C. vI-e--N-T--Os DEL -NO - -d-e- 84

82 cientos de -Miles de lEtrA-s-- 104
      | | | | |
85 -1-0- a 15 kM-/h. -humE-dAd:52% 95
    
```

4_Afor-pronos: manual-martes

Alignment type: Protein alignment

Matrix: EBLOSUM62
 Gap penalty: 2.0
 Extend penalty: 2.0
 Score: 36.0
 Sequence 1 length:26
 Sequence 2 length:58
 Alignment length: 58
 Identity: 10/68 (14.71%)
 Similarity: 16/68 (23.53%)
 Gaps: 45/68 (66.18%)

```

1 -----LACoM-P-RENS-IoN- 13
      | | | | |
1 MIERCoLESToRMENTASDISPERSASVIENT 32

14 -ES-CoM---PRE-SIoN----- 26
      | | |
33 -oS-DELNN PRoBAILIDADeLLVIA 58
    
```

5_Afor-pronos:compresión-miércoles

Alignment type: Protein alignment

Matrix: EBLOSUM62
 Gap penalty: 2.0
 Extend penalty: 2.0
 Score: 66.0
 Sequence 1 length:106
 Sequence 2 length:63
 Alignment length: 114
 Identity: 24/114 (21.05%)
 Similarity: 34/114 (29.82%)
 Gaps: 59/114 (51.75%)

```

1  La -sEmilla ES la manera que tIEN-e- uNa      30
   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |
1  L- juE-v----ES -2-6-.--- 34o vIENto: -No      16

31  planta -d-e- genErar Otra PlAnta y LA          58
   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |
17 -1-2-- km/h. -ciE-l--O--- P-A-r-c-i-A-        31

59  pL-aNTa ----E-s-- -la MA-nE-ra que tIENe      82
   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |
32 -LmeNTE cubiErto --mxIMA dE 34 -c. vIEN-t    59

83  la sEmiL-la DE generA-r- -otra seMilla-.-    112
   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |
60 os dE--L no DE -1-0 A 15 km/h. huM-edAd:6    79
    
```

6_Afor-pronos: semilla-jueves

Alignment type: Protein alignment

Matrix: EBLOSUM62
 Gap penalty: 2.0
 Extend penalty: 2.0
 Score: 48.0
 Sequence 1 length:20
 Sequence 2 length:19
 Alignment length: 21
 Identity: 11/21 (52.38%)
 Similarity: 12/21 (57.14%)
 Gaps: 3/21 (14.29%)

```

1  CLASIFICAR-ESCoMPRIM-IR      20
   |   |   |   |   |   |   |
1  CMPRIMI--R ESCoMPRENDER      19
    
```

7_Afor-pronos: clasificar-comprimir

Reflexiones externas

El ADN, poema infinito de la vida, secuencia de la narración ancestral de la evolución, se desenreda a lo largo del tiempo como las páginas de un libro antiguo. La literatura, espejo del tiempo, también teje historias que perduran en la memoria colectiva.

Mientras tanto, el clima, un capítulo siempre cambiante, configura el entorno donde estas historias se desenvuelven, influyendo en el destino de cada ser en este vasto relato cósmico. En esta obra las historias se entrelazan incorporando el azar, y el conjunto vincula pasado, presente y futuro, tejiendo una posible trama visual de la existencia.

(Aportación de: Dra. Pilar Rosado Rodrigo)

Comparar, contrastar lenguajes, sistemas de codificación: cada sistema coagula, comprime, una serie de presupuestos, de premisas, axiomas, implícitas y conocidas por los hablantes o usuarios de tal o cual lenguaje. Pero a menudo tendemos a confundir el lenguaje con las cosas a las que refiere, la partitura no es necesariamente los sonidos que prescribe, que propone. El lector, el oyente, construye el mensaje según sus propias capacidades

Según Chomsky tenemos la capacidad innata para el lenguaje. Aza Raskin y el Center for Humane Technology están decodificando los lenguajes animales con IA. Por ahora han descubierto que todos los lenguajes humanos tienen una misma estructura topológica cuando se mapean las relaciones semánticas. David Lynch lee la previsión meteorológica. Entender las relaciones de datos como lenguajes y prever posibles futuros, estadísticamente (comparar frases de Wagensberg, secuencias de ADN, previsión meteorológica, o lo que se quiera). Eso hace Chat GPT, y estamos adoptando este sistema que no comprende si no que computa probabilidades. ¿Qué pensará David Lynch?

Los humanos somos expertos en encontrar patrones en cualquier circunstancia informativa, encontrar relaciones significativas, incluso donde no las hay. La pareidolia -ver caras en cualquier sitio donde parezca haber dos ojos (^_*)-, ha sido útil en nuestra evolución, reconocer algo familiar en aquello que no conocemos. Los memes auditivos que corren por internet, Yanni o Laurel. Forzar la comparativa y no olvidarnos que los lenguajes tienen limitaciones, y que a menudo leeremos aquello que queremos leer.

(Aportación de: Dr. Martí Ruiz i Carulla)

Aclaraciones internas

Este ensayo visual recrea el gran paradigma científico de la codificación bioinformática que nos permite entender quienes somos. De manera concisa este proyecto ha utilizado un *software* que compara "secuencias proteicas". Partiendo de que las proteínas y los aminoácidos son los pilares fundamentales de la vida, nos basamos en su codificación para generar una nueva interpretación que suplanta las bases nitrogenadas (ADN-ARN) por palabras gramaticales, de nuestro lenguaje común. Se suplanta un código por otro, el que proviene de la codificación bioinformática por el nuestro más común, nuestro lenguaje escrito, alfabético. Esta suplantación quiere identificar los 22 caracteres que identifican a los aminoácidos con los 26 del alfabeto del lenguaje español. Para poder completar la correspondencia en la que se diferencian por 4 caracteres y llegar a los 26 del alfabeto español, éstos se crean por la combinación entre algunos de ellos, por ejemplo: el carácter B, que no tiene una correspondencia directa con un aminoácido, surge de la combinación de dos ellos, Asparagina o Ácido aspártico ASX.

Para la alineación hemos usado una versión modificada del *software* Swat5, que nos fue proporcionado por el biólogo e informático Santiago González (durante su participación en el equipo de genómica computacional del BSC, liderado por D. Torrents) a partir de una investigación realizada por el proyecto Geburte que llevé a cabo junto con el artista y docente Aleix Molet en el año 2012, en un contexto mayor del proyecto I+D Metamétodos, financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación. Swat5 sí que incorpora la correspondencia entre 26 símbolos de los aminoácidos y 26 caracteres gramaticales, con la salvedad de todos los signos de acentuación, puntuación, diferenciación entre mayúsculas y minúsculas, etc..., estos quedarán obviados.

El ensayo visual consta de un total de siete comparaciones, seis de ellas entre seis aforismos de J. Wagensberg y 6 pronósticos climáticos y una comparación final entre dos aforismos de este mismo autor. Por otro lado, las cuatro primeras comparaciones y la sexta son el resultado obtenido a través de la modificación del *software* Swat5 y la quinta y la séptima es una modificación del resultado obtenido a través de la herramienta de alineación de secuencias de proteínas de la compañía Vector Builder a través de su aplicación on-line. La diferencia entre estas dos tipologías de comparaciones es claramente diferenciada, ya que usan formalizaciones propias. Los resultados obtenidos a través de Swat5 han sido objeto de una recodificación cromática, cada carácter tiene asignado un color que viene derivado del propio proceso de obtención de la secuencia mediante la electroforesis capilar y el análisis automatizado. El uso del láser de argón, que excita a los fragmentos de ADN a distintas longitudes de onda, generan respuestas que son identificadas por su tendencia cromática.

Durante el uso de los métodos bioinformáticos se ha pretendido respetar los resultados de manera íntegra a pesar de que, en algunas ocasiones, por cuestiones formales nos hemos permitido obvias licencias que responderían a criterios subjetivos, si es que en algún momento, lo que entendemos como "criterio subjetivo" fuera lo absolutamente opuesto a lo que llamamos "criterio objetivo".

Referencias / References

- ALINEAMIENTOS: <http://www.eloipuig.com/coleccio-alineaments/>
- CAGE, J. (2002). *Silencio*. Madrid: Ardora.
- ELECTROFERESIS. https://es.wikipedia.org/wiki/Electroforesis_capilar
- GILBERT, A. (ed.) (2016). *Publishing as Artistic Practice*. Berlin: Stenberg Press
- MONTFORT, N., Wardrip-Fruin, N. (ed.) (2003). *The new media reader*. London: The MIT Press.
- GEBURTE: <https://geburte.wordpress.com>
- GOLDSMITH, K. (2015). *La escritura no-creativa*. Buenos Aires: La caja Negra
- LEVIN, R. (2002). *Complejidad*. Colección Metatemas. Barcelona: Tusquets
- METAMÉTODO. <https://www.ub.edu/imarte/es/exposicions/metametode-2014/metametodes>
- PEREC, G. (2008). *Lo infraordinario*. Madrid: Impedimenta
- PICHLER, M. (2012). *Some More Sonnet(s)*. Berlin: Greatest Hits
- POUND, E. (2018). *Cantos*. Ciudad de México: Sextopiso.
- QUENAU, R., Perec, G., Le Lionnais, F., Calvino, I., & Matews, H. (2016). *Oulipo. Ejercicios de Literatura potencial*. Buenos Aires: La caja Negra.
- SECUENCIACIÓN. https://es.wikipedia.org/wiki/Secuenciación_del_ADN.
- SWAT. <https://mybiosoftware.com/swat-aligning-dnarna-sequences-and-protein-sequences.html>
- TISELLI, E. (2017). *Hipercamflaje*. Barcelona: Sonhoras.
- WAGENSBER, J. (2002). *Si la naturaleza es la respuesta ¿Cuál era la pregunta?*. Barcelona. Tusquets
- WILSON, S. (2003). *Information arts. Intersections of art, science, and technology*. London: The MIT Press.