

LOS DEMONIOS DE DARWIN

Semiótica y Termodinámica de la
Evolución Biológica

Luis Eugenio Andrade Pérez
Universidad Nacional de Colombia
Departamento de Biología
Bogotá D. C.

Segunda Edición 2003

Dedicatoria:

A mis ancestros quienes me transmitieron mucho más que genes.

A mi padre Ernesto Andrade Valderrama, quien dio *forma* a mis inquietudes mostrándome un panorama multidimensional de la vida y de la condición humana.

A mi madre Marta Pérez Palacio, quien me confirió la *forma* al comunicarme la chispa insondable e indescriptible de la vida.

A mi hijo David Eugenio a quien espero transmitirle mucho más que genes, dándole condiciones para que descubriendo nuevas *formas* y posibilidades, lleve una vida auténtica.

A mis estudiantes y lectores, seguro que la paciente lectura de este texto contribuirá a su formación científica y humana.

“¿Qué era, pues, la vida? Era calor, calor producido por un fenómeno sin sustancia propia que conservaba la *forma*: era una fiebre de la materia que acompañaba el proceso por la descomposición y la recomposición incesante de moléculas de albúmina de una estructura infinitamente complicada e infinitamente ingeniosa. Era el ser de lo que, en realidad, no puede ser, de lo que oscila en un dulce y doloroso vaivén sobre el límite del ser, en este proceso continuo y febril de la descomposición y de la renovación. No era ni siquiera materia y no era espíritu. Era algo entre los dos, un fenómeno llevado por la materia, semejante al arco iris sobre la catarata y semejante a la llama.”

Hans Castorp.

Thomas Mann (1924). La Montaña Mágica. Capítulo quinto.

Índice general

Introducción	xv
0.1. Sobre la localización del observador en las ciencias de la naturaleza: ¿Interno? ó ¿Externo?	xv
0.2. Persistencia del vitalismo	xxviii
1. Un recorrido desde la observación externa a la interna en termodinámica y teoría de la información	1
1.1. Aproximaciones externalistas	2
1.1.1. Entropía termodinámica	2
1.1.2. Entropía de Boltzmann	5
1.1.3. El equilibrio como referencial propio de un observador externo	12
1.1.4. Neodarwinismo y entropía de Boltzmann	15
1.1.5. Equilibrio, gradualismo y progreso evolutivo	18
1.1.6. Información y entropía	21
1.1.7. Información y comunicación	24
1.2. Aproximaciones internalistas	26
1.2.1. Los demonios de Maxwell	26
1.3. El desequilibrio como referencial para el estudio de los sistemas físicos y biológicos	31
1.3.1. La aproximación de Ilya Prigogine	31
1.4. Evolución como entropía: la contribución de Wiley y Brooks .	38
1.5. Especiación y cambios de entropía	43
1.6. Autopoiesis	51
1.7. Teoría algorítmica de la información	52
1.8. Entropía Física: La aproximación internalista de Zurek	57

2. Moléculas e información	61
2.1. La biología molecular:	
una empresa multidisciplinaria	61
2.2. Del “molde interior” al “dogma central”	62
2.2.1. El paradigma de la “fluidez de la vida”	
y la “adaptación enzimática”	66
2.2.2. Paradigma informático	68
2.2.3. El dogma central	70
2.2.4. Monod y la Consolidación del Dogma Central	72
2.2.5. Reacciones contra la propuesta de Monod	74
2.2.6. Las enzimas como demonios de Maxwell	75
2.2.7. Críticas al dogma central	77
2.2.8. Dogma central y códigos	78
2.2.9. El sistema de comunicación DNA - mRNA - proteínas	79
2.3. De la información digital a la analógica	
y viceversa	80
2.3.1. El DNA: modelo de información digital	80
2.3.2. Espacios de secuencias	81
2.3.3. Estructura de los lenguajes y semántica molecular	84
2.4. Más allá del dogma central	87
2.5. Codificación analógica y actividad enzimática	92
2.6. Codificación digital y reconocimiento directo de patrones	95
2.7. Ruptura del paradigma: una secuencia/ una estructura	104
2.8. Estructura-Función	108
3. Semiótica de la evolución biológica	111
3.1. Relaciones triádicas de Peirce y el pensamiento evolutivo	114
3.2. Selección y demonios de Maxwell	118
3.3. Estructuras y registros de información	119
3.4. La interacción sistema entorno	121
3.5. La medición como fuente de determinación y perturbación	125
3.6. El problema de la medición	127
3.7. Desarrollo de las categorías peircianas	133
3.7.1. Potencialidad y actualidad en el establecimiento de las	
conexiones	134
3.8. La adaptación biológica	142
3.9. Origen de las variaciones evolutivas	145
3.10. Las variaciones evolutivas son ¿dirigidas ó aleatorias?	148
3.11. Variaciones dirigidas lejos del equilibrio	151
3.12. La propuesta neolamarckiana	154

3.13. La barrera de Weismann	160
3.14. Hacia una teoría de los Fenotipos	163
3.15. La ontogenia de un observador interno	166
3.16. Máquina de Szilard y borrado de información	172
3.17. Mecanicismo y evolucionismo, ¿incompatibles?	174
3.18. Hacia una semiótica de la naturaleza	178
3.19. Limitaciones de la teoría de la información	180
3.20. Complejidad	183
3.20.1. Profundidad lógica	187
3.21. La selección como potencia activa	189
3.22. El estatuto epistemológico de la <i>forma</i> y la <i>causa formal</i>	190
3.23. De la epistemología a la ontología	196
3.24. El Mapa de las relaciones entre los Espacios de Información Digital y Analógica	198
3.25. Espacio de Información Digital (EID)	200
3.26. Espacio de Información Analógica (EIA)	202
3.27. Espacio de las Acciones Asociadas a Trabajo Físico	203
3.28. Semiótica de series aleatorias de símbolos	206
3.29. Selección Natural y causalidad aristotélica	209
4. Epílogo	213
4.1. Organización jerárquica	213
4.2. Transdisciplinariedad y conjura del vitalismo	224
Apéndices	
A. Teoría de la codificación	231
A.1. Códigos	231
A.2. Propiedades de los códigos instantáneos	231
A.3. Códigos detectores y correctores de error	235
A.4. Teorema de Shannon: “Capacidad del canal”	237
A.5. La entropía condicional como medida del ruido genético	237
B. Entropía Física de Zurek	241
B.1. Relación entre la entropía algorítmica y la estadística	241
B.2. Máquina de Szilard y el costo del borrado	244
B.3. Compresibilidad de la información	245
B.4. El papel de las mediciones : de la ignorancia al desorden	245
Bibliografía	249

Índice de figuras

1.	Estructura Jerárquica	XXV
1.1.	Microestados compatibles con macroestado	7
1.2.	Aumento en el número de microestados como resultado del incremento en la capacidad de resolución de rejillas	10
1.3.	Trayectoria promedio de las partículas en difusión en un medio cerrado a volumen finito	15
1.4.	Árbol de decisiones binarias	22
1.5.	Transmisión de información desde la fuente al destino tal como se concibe en ingeniería de comunicaciones	26
1.6.	El demonio de Maxwell	30
1.7.	Organización cíclica de la reacción de Belousov-Zhabotinsky	32
1.8.	Árbol de bifurcaciones que ilustra las transiciones entre regímenes termodinámicos	33
1.9.	Creodos y paisaje epigenético	35
1.10.	Variación entre la entropía máxima constante H_{max} y la entropía observada H_{obs}	38
1.11.	Variación entre la entropía máxima creciente H_{max} y la entropía observada H_{obs}	40
1.12.	Dinámicas de especiación. Especiación con persistencia de la especie ancestral	47
1.13.	Dinámicas de especiación. Especiación con extinción del ancestro y formación de dos especies descendientes	48
1.14.	Compresibilidad decreciente	53
1.15.	Trabajo necesario para establecer acoplamientos.	58
2.1.	Dogma central	71
2.2.	Operon lactosa	73
2.3.	Complementariedad llave-cerradura, inducida de Koshland	74

2.4. Hipercubos y espacios de secuencia de dimensiones 1, 2, 3, 4 y 6	82
2.5. Transformación de una frase en tres frases básicas de acuerdo a Chomsky	85
2.6. Conjuntos autocatalíticos	93
2.7. Mapa del espacio de secuencias de RNA en el espacio de sus estructuras secundarias o de formas	105
2.8. Recorridos neutros en el espacio de secuencias	105
3.1. Categorías peircianas y tríada básica del conocimiento.	112
3.2. Hiperestructura o arreglo que esquemática tres niveles de organización	121
3.3. Imposibilidad de extraer trabajo a partir de un sistema en equilibrio termodinámico por acción de un observador interno	124
3.4. Posibilidad de extraer trabajo a partir de un sistema lejos del equilibrio termodinámico, por acción de un observador interno	125
3.5. Esquema que representa la analogía entre el demonio de Maxwell y la selección.	130
3.6. Proceso de medición externa	131
3.7. Proceso de medición interna	131
3.8. Ejemplos de medición en los que se utilizan diferentes tipos de varas de medida	132
3.9. Ausencia de acoplamientos sistema-entorno	135
3.10. Catástrofe por error	138
3.11. Jerarquía de las conexiones sistema-entorno	139
3.12. Duplicación genética de Ohno	140
3.13. Conexión sistema-entorno. Exaptación	141
3.14. La visión más divulgada de la evolución	157
3.15. Una visión más completa de la evolución	158
3.16. Esquema de la doctrina de Weismann	161
3.17. Modificación del esquema de Weismann	162
3.18. Entropía disipada por unidad de masa a lo largo del tiempo de desarrollo de acuerdo a Salthe	167
3.19. Máquina de Szilard	173
3.20. Curva Información en función de la Probabilidad	182
3.21. Curva información vs. probabilidad y categorías peircianas . .	186
3.22. Relación entre espacios de información digital (secuencias de símbolos) y espacios de información analógica (formas)	199
4.1. Jerarquías de especificidad.	218

4.2. Niveles de organización y su naturaleza dual: Analógica y digital	220
4.3. Entropía disipada en función del tiempo evolutivo	223
A.1. Árbol lexicográfico de codificación instantánea y eficiente de los estados S_i con probabilidades $p(S_i)$	234

Índice de tablas

1.	Resumen de algunas de las características propias de las descripciones interna y externa.	XXVI
2.1.	Valor total obtenido por un par de dados y valores mostrados por cada cara	79
2.2.	Tamaños estimados de los espacios de secuencia y formas para RNA y proteínas	106
3.1.	Código genético	136
3.2.	Interacciones IGUS/entorno que muestran decrecimiento de la entropía de Shannon, e incrementos en la complejidad algorítmica del registro	170

AGRADECIMIENTOS

A los estudiantes de biología que me han acompañado desde 1990, en los cursos de biología molecular, evolución y taller de matemáticas, especialmente a los que han participado en los seminarios del grupo de investigación en biología teórica, molecular y evolutiva, quienes me han estimulado con sus preguntas oportunas, curiosidad intelectual e inquietudes de diversa índole.

A la Facultad de Ciencias y al Departamento de Biología de la Universidad Nacional de Colombia, por haberme concedido un año sabático durante el período comprendido entre octubre de 1997 a julio de 1998, oportunidad que me sirvió para llevar a feliz término el presente trabajo. Además, por la pasantía concedida durante el mes de septiembre de 2001 en la Universidad de Toronto, periodo que me sirvió para discutir y ampliar la segunda edición.

A la Academia Colombiana de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, por su apoyo y estímulo intelectual prestado a través del seminario permanente de Ciencia Teórica, desde 1992 hasta 1999.

A Omar Ortiz por elaboración de gráficas y montaje del texto en formato \LaTeX .

A María Paula Sánchez Andrade por la elaboración de las gráficas y tablas.

A Isabel Cristina Arroyo Andrade por la lectura del manuscrito y revisión ortográfica y gramatical.

A Teresa Pérez quien me apoyó en todo momento y me animó a sacar adelante el presente trabajo.

Presentación del libro:

En “*Los demonios de Darwin*” se presentan algunas correspondencias entre la termodinámica, la biología molecular y el evolucionismo, que conducen a la formulación de una hipótesis de trabajo que considera a los sistemas vivientes como agentes observadores, codificadores y usuarios de la información. Esta actividad propia de la vida se analiza como una actividad cognitiva ó semiótica que se ejemplifica en la metáfora del demonio de Maxwell.

El libro esta organizado de acuerdo a un esquema triádico inspirado en Charles S. Peirce, manteniendo un eje temático central que se va tejiendo desde diferentes perspectivas. En el capítulo primero, sobre la localización del observador, se abordan los temas de la energía, el azar, la potencialidad. En el capítulo segundo, entre la actividad catalítica y la codificación genética, se plantea el problema de la información a escala molecular. Por último, el estudio del carácter semiótico de los demonios de Maxwell ó de las unidades de acción y experiencia ilustra como se da la capacidad de evolucionar.

En esta segunda edición se incluyen nuevos textos como el que discute la relación entre el neo-darwinismo y la entropía de Boltzmann. Además se profundiza en el problema del origen y carácter de las variaciones evolutivas respecto a si son aleatorias o dirigidas. En este mismo sentido se presenta una ampliación sobre los conceptos de forma, causa formal, información analógica e información digital.

Las argumentaciones están fundamentadas en un sólido conocimiento científico y las diferentes propuestas se desarrollan con un rigor lógico que aunado a un esfuerzo de síntesis van convergiendo hacia la elaboración de una hipótesis que coloca el fenómeno vital en el corazón de las discusiones científicas y filosóficas de hoy en día. Se trata de un ensayo que se recomienda como materia de estudio y discusión crítica dirigido a estudiantes y profesionales de las ciencias naturales y la filosofía, así como para un público interdisciplinario interesado en conocer los virajes que están tomando algunas teorías científicas.

Introducción

0.1. Sobre la localización del observador en las ciencias de la naturaleza: ¿Interno? ó ¿Externo?

En el curso de mi carrera académica he constatado que las teorías más recientes sobre la evolución biológica y las interpretaciones moleculares de los fenómenos de la vida se siguen polarizando entre dos extremos tradicionalmente irreconciliables: el mecanicismo y el vitalismo¹. Cada una de estas perspectivas ha conocido sus momentos de aceptación, de auge, de crisis y de abandono para resurgir posteriormente bajo otra forma. El mecanicismo extendió la idea de una causalidad ciega al dominio de la genética, del evolucionismo y de la biología molecular. Sin embargo, en cada generación reaparecen posiciones vitalistas fundamentadas en un sentimiento de insatisfacción con la negación de todo tipo de propósito o finalidad. En el trasfondo de estas discusiones están los *a priori* o presupuestos de cada perspectiva; éstos incluyen un conjunto de ideas, intuiciones, concepciones surgidas de teorías anteriores, hipótesis previas, esquemas socioculturales, mitos, etc., que hacen que en un momento determinado los investigadores prefieran un enfoque sobre otro.

El mecanicismo se circunscribe a un concepto de causalidad unidireccional y determinista, explicable en términos de las causas material y eficiente de Aristóteles. La primera, representada por la materia (los átomos o moléculas que se mueven en el vacío) y la segunda, por la energía (o las fuerzas que las mueven). Si por ejemplo queremos explicar la existencia de una casa determinada, la causa material corresponde a los materiales (la-

¹En el presente trabajo el vitalismo se presenta como una concepción afín a la que otros autores han denominado como “Organicista”, y más recientemente “Holista”. Es completamente ajena a aquella visión según la cual la vida es una propiedad de una sustancia, materia prima ó *archeia*

drillos), y la eficiente, a la energía o trabajo que hay que aplicar para que los ladrillos puedan ensamblarse. El mecanicismo está ligado a los proyectos reduccionistas que buscan entender el universo a partir de sus elementos constitutivos; es decir, explicar la sociedad con base en los individuos, los organismos con base en la célula, la célula con base en las macromoléculas, las macromoléculas con base en los átomos, los átomos con base en las partículas subatómicas o componentes últimos.

Por otra parte, el vitalismo concibe el universo como una totalidad en flujo y movimiento perpetuo. A su vez, esta totalidad se asume como una estructura orgánica (organismo), donde cada entidad ocupa el lugar que le corresponde. Desde esta óptica, la causalidad se entiende como una relación compleja que incluye las cuatro causas aristotélicas (material, eficiente, formal y final). La causa formal equivaldría al plan de organización, y la final al motivo o razón por la cual era necesario que una determinada entidad o estructura emergiera. Siguiendo con el ejemplo de la casa, la causa formal corresponde al plano donde se precisa el lugar en donde deben colocarse los ladrillos y la final es el motivo por el cual queremos construirla, es decir, la intención de habitarla [1].

Entre estas dos concepciones han oscilado muchas interpretaciones de la ciencia, aunque la llamada revolución científica se caracterizó por un rechazo a todo tipo de explicación en términos de causas finales. La revolución científica fue un movimiento en contra de la concepción aristotélica debido a su incapacidad para explicar el movimiento de los proyectiles y la caída de los cuerpos. De ahí la crítica que Galileo hizo a Aristóteles, que desde la física fue extendiéndose a otras ramas del saber. Sin embargo esta discusión debe verse de una manera menos sesgada hoy en día. Para Aristóteles el movimiento se ejemplifica mejor no en el desplazamiento de móviles inertes sino en el proceso de desarrollo orgánico. Él fue el primer experimentador en embriología que estudió las diferentes etapas del desarrollo, desde el estado de huevo hasta la forma propia del animal adulto. Este tipo de cambio o transformación habría de incitar en él, la construcción de un sistema de pensamiento fundamentado en lo viviente. Su misma propuesta de la búsqueda de las causas, mencionada anteriormente, se deriva de este fenómeno. La causa material corresponde a la materia o sustancia de qué está hecho el huevo y la eficiente estaría dada por las condiciones de incubación. Además, en el huevo estaría inscrita la forma que debe generar, o una causa formal que determina el tipo de forma viviente que le corresponde. Por último, dado que los procesos de desarrollo pueden eventualmente conducir a malformaciones, Aristóteles postuló la existencia de una causa final que garantiza el cumplimiento o realización de la forma correspondiente, es decir una expli-

cación sobre aquello que evita que se presenten las posibles desviaciones al plan inscrito en la causa formal. Esta causa final se convirtió a lo largo de los siglos en la línea divisoria entre las posiciones científicas mecánicas y las organicistas o vitalistas.

Todavía en los 70 Monod reclamaba y definía la objetividad científica como

“... la negativa sistemática a considerar capaz de conducir a un conocimiento verdadero toda interpretación de los fenómenos dada en términos de causas finales” [2].

A raíz de este planteamiento, las concepciones de tipo vitalista se califican peyorativamente como metafísicas y, por ende, estériles para el desarrollo de la investigación científica. Esta crítica carece de validez si se considera que la perspectiva reduccionista mecanicista descansa sobre *a priori* no explícitos, cuya pretendida validez se asume sin cuestionamiento.

Entre los presupuestos derivados de la concepción de Francis Bacon, René Descartes e Isaac Newton que dan soporte al mecanicismo están los siguientes:

1. Existencia de un nivel fundamental de descripción. Es al nivel de los componentes fundamentales de la materia de carácter atómico en donde hay que buscar las explicaciones de la naturaleza, incluyendo la vida.
2. Descomponibilidad de los sistemas en partes constitutivas separadas. El análisis y la descomposición en partes permiten entender las propiedades de los objetos de estudio. Es decir, la vida es explicable en términos de sus unidades constitutivas últimas, ya sea que se definan como células o como macromoléculas.
3. Existencia de leyes físicas eternas e inmutables que explican el comportamiento de la naturaleza.
4. Identificación de la realidad con lo físicamente mensurable y cuantificable, es decir, lo cualitativo es reducible a lo cuantitativo.
5. Ausencia de propósitos o finalidades intrínsecas en la naturaleza.

Por contrapartida la perspectiva vitalista se deriva de los siguientes presupuestos que aparecen dispersos en diferentes autores (Denis Diderot, Jean Baptist Lamarck, Claude Bernard, Henri Bergson, Hans Driesch). Presupuestos que tienden al reconocimiento de una actividad interior, organizadora y dotada de sentimiento, que caracteriza a la dinámica vital.

1. En cada nivel se da una emergencia de propiedades que lo hacen inexplicable en términos de los componentes constitutivos. No hay por tanto niveles de descripción fundamentales; todos y cada uno por su lado aportan al desarrollo del conocimiento.
2. Los sistemas no se pueden descomponer, por cuanto dejarían de presentar las características que los especifican. La descomposición y el análisis destruyen el objeto de estudio.
3. Insuficiencia de las leyes físicas definidas por la mecánica para el entendimiento de la naturaleza viviente. El carácter dinámico, sorpresivo, creativo e impredecible de los seres vivientes induce a la cautela en la formulación de leyes de carácter universal.
4. Reconoce una dimensión cualitativa irreducible a descripciones cuantitativas, es decir, hay algo en la naturaleza que escapa al formalismo matemático.
5. Existencia de propósitos y finalidades en la naturaleza viviente.

Este último presupuesto es consecuencia inevitable de los anteriores. Kant se refiere a los organismos como “propósitos naturales”

“Para que una cosa sea un propósito natural, en primer lugar es necesario que sus partes (consideradas en su presencia y forma) sean posibles únicamente en referencia al todo. Puesto que la cosa en sí misma es un propósito, y así comprendida bajo un concepto o idea que necesariamente determina *a priori* todo lo que está contenido en él. (...) (Entonces), para que un cuerpo pueda juzgarse en sí mismo y en su posibilidad interna como un propósito natural, se requiere que sus partes dependan mutuamente una de la otra en su forma y en su combinación, y de este modo produzcan el todo por su propia causalidad...” [3, 4]

A lo largo de la historia, estos presupuestos han adoptado diferentes matices, a veces exacerbando los antagonismos y otras, acercándose a posiciones intermedias. Un mismo investigador puede compartir presupuestos opuestos a lo largo de su carrera; es decir, no es fácil la disección entre estos dos referenciales que ante todo son categorías que ayudan retrospectivamente a guiarnos en el camino recorrido por la ciencia.

No hay argumentos que permitan demostrar la superioridad del mecanicismo sobre el vitalismo, o viceversa. La superioridad del mecanicismo podría aceptarse si se demuestra que conduce a una explicación universal libre de contradicciones. Hoy en día esta demostración parece imposible, o

al menos es indecible *a priori*. Según Gödel no podemos esperar que las descripciones sean simultáneamente consistentes y completas, ya que no es posible generar un sistema de axiomas derivables los unos de los otros de una manera consistente. En otras palabras, en los sistemas conceptuales siempre habrá cabos sueltos que requieren axiomas o hipótesis externas para buscar su consistencia.

Tampoco se puede hablar de una superioridad esencial del vitalismo, puesto que su fortaleza descansa sobre las limitaciones de las explicaciones mecánicas y del intelecto humano. Los presupuestos del mecanicismo y del vitalismo no pueden eliminarse, y debemos aceptarlos como dos fuentes de conocimiento que son irreducibles entre sí. El orden de la naturaleza es producto de una reconstrucción racional. Las limitaciones del intelecto humano nos remiten a estos dos tipos de perspectivas que contribuyen a articular una visión unificadora. Los datos de la observación son los componentes básicos para la construcción del saber científico. Sin embargo, aunque los *a priori* no son en sí mismos el conocimiento, en la práctica sirven como casilleros o patrones que permiten organizar los datos o hechos empíricos.

La relación entre el mecanicismo y el vitalismo va más allá de la experiencia, puesto que el nivel fundamental que da unidad a las apariencias exteriores es incognoscible. La ciencia, a pesar de su adhesión oficial al mecanicismo, en los periodos de revolución o cambio de paradigma ha estado abierta a la posibilidad de que cualquiera de las dos perspectivas pueda explicar los fenómenos particulares, sin comprometerse por anticipado con ninguna de las dos.

Sin embargo, muchos problemas epistemológicos se suscitan cuando los presupuestos se asumen sin análisis crítico. La mayoría de las veces, las discusiones no se centran tanto en los datos particulares como en la interpretación de los mismos. En particular, los *a priori* del mecanicismo no se hacen explícitos en el medio académico por ser concordantes con un modo o hábito de pensar propio de la cultura dominante de las sociedades industrializadas; se asumen como objetivos y libres de cuestionamiento en los programas de formación técnica y científica en las universidades, aunque un número creciente de historiadores y filósofos de la ciencia han contribuido a su crítica.

Por el contrario, los presupuestos del vitalismo gozan de algún grado de aceptación y reconocimiento explícito en el medio extracadémico, porque hacen parte de las transformaciones culturales, que desde la segunda guerra mundial y ante la crisis ambiental y social han ido recuperando terreno, resurgiendo en la sociedad altamente interconectada de hoy en día. Por otra parte, en las escuelas de ciencia se siguen adoptando textos que se suscriben

al paradigma mecanicista, en los que se minimiza el papel que cumplieron en su momento algunas perspectivas de tipo vitalista, y el que todavía siguen jugando en el desarrollo del conocimiento.

Ambas perspectivas son complementarias puesto que las descripciones derivadas de cada una son incompatibles cuando se adoptan simultáneamente. No obstante, tomadas independientemente en diferentes momentos contribuyen al enriquecimiento del conocimiento. La creencia en leyes naturales, eternas e inmutables da seguridad y confianza en la búsqueda de patrones de regularidad y orden en la naturaleza más allá de las contingencias inmediatas. Ambas perspectivas son clásicas, en el sentido de que explícitamente reconocen en los seres humanos los únicos agentes observadores de la naturaleza y, como mostraré más adelante, el rechazo reiterado a la idea de una naturaleza dotada de una actividad y sensibilidad interior que le permite actuar como “observador interno” explica la aparición periódica de las posiciones vitalistas.

La visión clásica de la ciencia ha tenido como uno de sus presupuestos básicos la creencia en unas leyes naturales invariables y eternas que deben cumplirse en cada caso particular estudiado. A partir de este presupuesto se sigue indefectiblemente que es posible generar descripciones lógicamente consistentes sobre la naturaleza. Una descripción consistente supone un observador externo tipo *demonio de Laplace* que a partir del conocimiento de la posición y velocidad de las partículas en un momento determinado deduce una secuencia lógica de operaciones que darían cuenta de los estados futuros o evolución del universo.

En “El Ensayo Filosófico sobre las Probabilidades”, dice Laplace:

“Un ser inteligente que en un instante dado conociera todas las fuerzas que animan la Naturaleza y las posiciones de los seres que la forman, y que fuera lo suficientemente inmenso como para poder analizar dichos datos, podría condensar en una única fórmula el movimiento de los objetos más grandes del universo y el de los átomos más ligeros: nada sería incierto para dicho ser, tanto el futuro como el pasado estarían presentes ante sus ojos” [5].

La consistencia lógica asociada a la predicción de un “demonio de Laplace” permitiría que los fenómenos descritos sean registrados como una serie de símbolos que corresponden a opciones binarias “sí o no”, excluyendo cualquier posición ambigua ó intermedia. La consistencia supone que las condiciones de frontera o restricciones que actúan sobre el sistema se mantienen constantes durante el proceso de descripción. Estos estados sucesivos,

al estar determinados por las condiciones iniciales, podrían describirse con una consistencia lógica donde se aplica el principio aristotélico del medio excluido.

No obstante, si consideramos que el proceso de producción de una descripción es ante todo un fenómeno físico, se debe examinar en qué condiciones y en qué circunstancias es posible generar descripciones lógicamente consistentes. Una descripción parcial o focal por contraste a una total o universal, se hace por un observador interno que pertenece a una escala cercana al objeto de la descripción. Este observador interno actúa en un entorno sometido a las perturbaciones que el mismo provoca a fin de producir una descripción donde las alternativas intermedias se van descartando.

El presupuesto de la constancia y universalidad de las leyes naturales hizo posible la ciencia, al estimular la búsqueda de regularidades o patrones por encima de las contingencias particulares inmediatas. Sin embargo, la posibilidad de generar descripciones generales consistentes no debe darse como un *a priori* sino que debe ser derivable de los hechos primarios de la observación particular. Por ejemplo, la disipación entrópica que paga la acumulación de información, la capacidad de recepción y la velocidad de transmisión de señales restringen la cantidad de eventos que un pretendido demonio de Laplace, considerado como un sistema físico real, podría tener en cuenta en un momento determinado.

Una vez que se resuelvan los conflictos que puedan surgir entre diferentes descripciones parciales, particulares o locales es posible derivar consistencia en una descripción de carácter más amplio. Las descripciones localizadas y parciales se efectúan sin saber por anticipado cuál va a ser la descripción universal consistente que las incluye; ésta emerge de modo impredecible a consecuencia de las descripciones generadas a nivel local [6]. El énfasis en las descripciones particulares y locales permite entender cómo las interacciones reales y concretas dan lugar a las regularidades explicadas en términos de leyes universales.

Sin embargo, el hecho de que las descripciones con pretensión universal (mecanicismo) hayan sido parcialmente exitosas se debe a que sus parámetros se han inferido estadísticamente, ante el desconocimiento de los eventos particulares. Cuando los parámetros derivados estadísticamente son estables, se convierten en restricciones que permiten la predicción de casos futuros, siempre y cuando las situaciones predichas tengan lugar bajo las mismas condiciones en que se definieron los parámetros. De manera que mientras estos parámetros se mantengan estables, podemos formular predicciones y proponer la existencia de factores de regulación y control que dan espacio a fórmulas deterministas. No obstante, el problema consiste en cómo legitimar

una descripción universal y consistente de un proceso evolutivo en el que los parámetros están cambiando constantemente.

El mecanicismo permitió una acumulación de conocimientos fácticos valiosos, descriptibles con consistencia lógica. Esta visión compartida por el positivismo, desplazó a las visiones vitalistas, considerándolas como concepciones más filosóficas que empíricas, que no se prestaban fácilmente a contrastación experimental y menos aún a la formulación de postulados sin ambigüedad lógica. A pesar de todo, el vitalismo ha tenido el mérito de haber concentrado la atención en problemas como la organización, el cambio histórico, el desarrollo y otros temas que han sido dejados de lado por el mecanicismo.

No obstante, desde los albores del siglo XX, la física comenzó a desplazarse hacia concepciones de tipo indeterminista, hacia el cuestionamiento del concepto clásico de materia y hacia el abandono de las explicaciones de tipo mecanicista y atomista. A su vez la biología, a partir de la revolución Darwiniana, de la genética, del modelo de la doble hélice, de la formulación del “dogma central”, del desciframiento del código genético y de la elucidación del mecanismo de síntesis de proteínas, se ha movido en contra vía, hacia el determinismo y el atomismo genético. En mi opinión, este fenómeno se debe a que la biología creyó ingenuamente que había descubierto, en el nivel molecular, la ley general que le permitía organizar los datos empíricos con el nivel de consistencia lógica propio del esquema mecanicista.

“Pero confesemos que también en los tiempos modernos se produce un espejismo por el que se puede fácilmente caer en la falacia de subestimar la tarea idealista de la ciencia. En mi opinión el origen de este espejismo se sitúa hacia la segunda mitad del siglo XIX, período de un auge científico sin igual, en el que la industria y la ingeniería ejercieron tan marcada influencia en los aspectos materiales de la vida que la mayoría de las personas olvidó todas las demás relaciones. Pero lo peor es que el tremendo desarrollo material produjo una perspectiva materialista, supuestamente derivada de los nuevos descubrimientos científicos (...). Sea como sea, en los últimos cincuenta años, hemos sido testigos de un progreso científico general y de la física en particular, que ha transformado, como nunca antes lo había hecho, la visión occidental de lo que con frecuencia se ha dado en llamar la Condición Humana. No me cabe la menor duda de que tardaremos otros cincuenta años aproximadamente para que el círculo de los cultos se percate del cambio” [7].

Mientras la física abandona el espejismo del mecanicismo, la biología sucumbe a él. Los biólogos moleculares, todavía en la década de los 80's, concebían las leyes naturales como un sistema autodeterminado de causas eficientes,

que operan sobre un conjunto último de constituyentes materiales del universo. Estos constituyentes no se consideran en su proceso de formación y por tanto no se ven como estructuras integradas en su lugar y función en un “todo” [8]. Los aspectos de la ciencia que sugieren una visión vitalista se desenfatan y no se consideran como una indicación de la naturaleza real de los fenómenos. Subsiste el temor a una reinterpretación de la realidad. De este modo, se llegó a la situación paradójica de que las ciencias biológicas, que tradicionalmente habían recurrido a las explicaciones de tipo vitalista, se constituyeron a partir de la década del 50 en el baluarte más fuerte de las concepciones mecanicistas, atomistas y deterministas.

Dice Judson[9]:

“El éxito espectacular de la biología molecular en el campo de la genética condujo a los científicos a aplicar sus métodos a otras áreas de la biología en un intento de resolver los problemas reduciéndolos al nivel molecular. De esta manera la mayoría de los biólogos se convirtieron en fervientes reduccionistas preocupados con detalles moleculares. La biología molecular, inicialmente una pequeña rama de las ciencias de la vida, se ha convertido en un modo general y exclusivo de pensar que ha conducido a serias distorsiones de la investigación biológica. La financiación se dirige hacia soluciones rápidas y hacia tópicos de moda, mientras que los problemas teóricos importantes que no se prestan a una aproximación reduccionista se ignoran. Nadie publica teoría en biología, salvo pocas excepciones (...). Creo que en los próximos años vamos a enseñar a los biólogos otro lenguaje que apunta hacia el problema fundamental de la teoría de sistemas elaborados (...) es equivocado creer que toda la lógica está en el nivel molecular. Tenemos que ir más allá del mecanismo de relojería”.

Podemos suscribir la afirmación anterior anotando que, afortunadamente, desde la década de los 90's se nota un cambio de actitud reflejado en el número explosivamente creciente de publicaciones sobre teoría biológica.

Por su parte, las concepciones clásicas (mecanicistas y vitalistas) hacen crisis cuando se enfrentan a la definición de sus objetos de estudio, puesto que las fronteras que definen los sistemas son difusas y como en el caso de las membranas celulares que se pliegan sobre ellas mismas generando espacios continuos entre el “exterior” y los compartimentos “interiores”. Las individualidades o entidades a cualquier nivel que las queramos ver, sea un átomo, una macromolécula, una célula, un organismo, una especie, la biosfera, o el universo, son intratables y únicamente son definibles a través de las relaciones e interacciones que establecen. De este modo, se generan

representaciones parciales y relativas al sistema observador de referencia difíciles de enmarcar dentro de una ley general.

Anotemos que en la ciencia abundan ejemplos en que se reconoce el papel participante del observador humano, como en los casos del físico cuántico que por medio del aparato de medición “interfiere” con el objeto de medida, o del biólogo molecular que transforma y manipula el genoma de los organismos, o el investigador social en el marxismo que busca la transformación de la sociedad. Sin embargo, ni el mecanicismo ni el vitalismo han desarrollado una concepción que incluya la presencia de observadores naturales internos a los sistemas, diferentes al investigador humano. En este sentido ambas perspectivas hacen parte de la ciencia clásica.

El desarrollo del conocimiento no ha sido una apropiación gradual de una realidad objetiva externa que impone sobre el observador sus leyes y patrones, sino por el contrario, una actividad social de construcción y elaboración permanente, donde se someten a prueba hipótesis, modelos matemáticos y experimentales. El desarrollo del conocimiento es una actividad social compleja, análoga a la elaboración de una descripción o registro, en la que se busca eliminar la ambigüedad, manejando los conflictos suscitados por la concurrencia de diferentes descripciones particulares. Sin embargo, cuando se mira retrospectivamente el desarrollo de cualquier rama del conocimiento, se hace difícil explicar cuáles fueron los presupuestos de partida y cuáles los compromisos que se establecieron entre marcos de referencia aparentemente opuestos.

Si consideramos la naturaleza como una organización jerárquica, en la que hay niveles inferiores contenidos dentro de los superiores, cada entidad o individuo se puede concebir como una *totalidad* describable en términos de los niveles inferiores y, al mismo tiempo, como una parte esencial de la descripción de los sistemas superiores de organización (véase figura 1). En cada nivel habría que tratar la relación “todo-parte” con las particularidades que cada nivel presenta. Estas relaciones deben asumirse como un “tira y afloje” entre representaciones particulares a escala micro (locales) y generales a escala macro (universales), o como un conflicto entre observadores internos y externos.

Recapitemos: el mecanicismo está asociado a la idea de que pueden existir descripciones universales lógicamente consistentes, en las que a partir del conocimiento de las posiciones de las partículas y las fuerzas que actúan sobre ellas, es posible predecir los estados futuros de tal sistema. El vitalismo, al contrario del mecanicismo, tiende a preferir las descripciones particulares o locales sobre las universales. Por esta razón, tradicionalmente los biólogos han estado al margen de la formulación de teorías generales con implicaciones

filosóficas, prefiriendo las discusiones en torno a los hechos primarios de la observación. Sin embargo, al estudiar la posibilidad de generar descripciones generales y universales a partir de las particulares y locales, reclamo para el pensamiento biológico un papel central en el desarrollo de la ciencia y la filosofía (cosmología y epistemología).

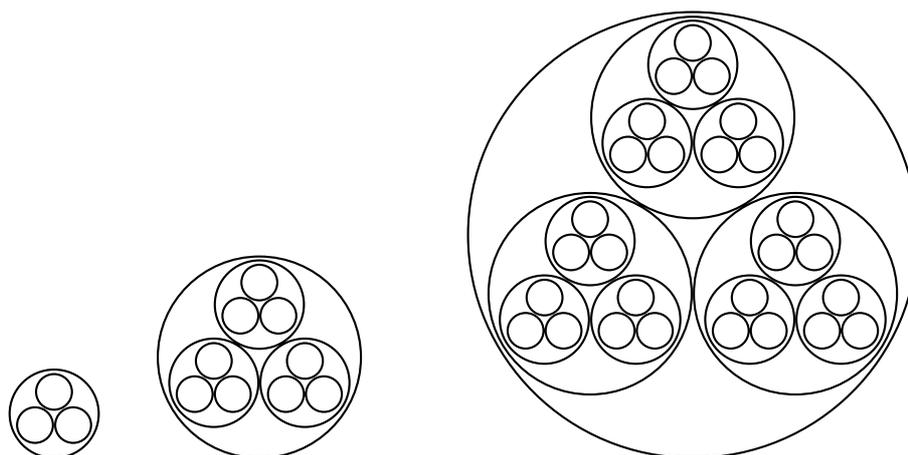


FIGURA 1. Estructura Jerárquica. Cada nivel de organización está representado por círculos de un tamaño determinado. En cada nivel las entidades son totalidades que contienen partes, que a su vez son totalidades que contienen entidades de niveles inferiores, y así sucesivamente. El diagrama representa moléculas contenidas en células, en organismos, en especies etc.

Las descripciones científicas que tratan de incluir el hecho físico de la observación interna podrían llegar a mostrar cómo se genera la consistencia en vez de asumirla *a priori*. La consistencia no es un presupuesto inviolable, puesto que las descripciones de los niveles pertenecientes a escalas cercanas al sistema observador se ven afectadas por el acto mismo de la observación, condenando al fracaso la predicción de detalles. Ir más allá del mecanicismo implica, entre otras cosas, tratar de incluir dentro del esquema una propuesta sobre las entidades vivientes como observadores internos, hecho que conduciría a explicar por qué en la naturaleza se dan fenómenos susceptibles de descripción y otros que presentan un comportamiento aleatorio.

Por otra parte, la distinción entre referenciales internos y externos es imprescindible para superar el relativismo en que caen las discusiones biológicas, especialmente aquellas que tratan de dar cuenta de los procesos de evolución. Los enunciados se presentan como verdaderos o falsos dependiendo del punto de vista, transmitiendo la sensación de que nada se puede definir

con seguridad dada la subjetividad de los distintos puntos de vista. Aceptemos que no es lo mismo una mirada “desde adentro” a una “desde afuera” y, en vez de tratar de imponer la supremacía de una u otra descripción, es saludable mantener ambas dada la complementariedad entre ellas. Complementariedad en el sentido de la imposibilidad de producir simultáneamente una descripción externa (mecanicista) e interna (vitalista). Además, debemos acogernos al consejo de Bohr en el sentido de concebir la vida como un hecho primario (no derivado) e irreducible que debe servir como punto de partida de la investigación[10].

En la tabla 1, se resumen algunas características propias de las descripciones interna y externa.

TABLA 1. Resumen de algunas de las características propias de las descripciones interna y externa.

Características de las descripciones	Observador interno	Observador externo
Papel del sujeto	Participante	Externo
Descripción	Incompleta y en curso	Completa y acabada
Escala	Micro	Macro
Jerarquía observacional	Observador a la misma escala que el nivel descrito	Observador en el nivel inmediatamente superior al descrito
Finalidad de la descripción	Manejo de incertidumbre local	Predicciones deterministas
Leyes universales	Formulación “a posteriori”	Formulación “a priori”
Perspectiva tradicional	Vitalismo	Mecanicismo
Metáfora cognitiva	Demonios de Maxwell	Demonio de Laplace

Dentro de las aproximaciones con pretensión universal podemos incluir la termodinámica clásica, la biología molecular dada en términos del dogma

central y la teoría de la evolución neodarwiniana. Considero importante que los mismos saberes o espacios que ellas definen sean reconstruidos a partir de las descripciones micro, parciales, particulares o locales.

En el capítulo primero quiero mostrar que las descripciones de Clausius y Boltzmann en termodinámica, y de Shannon en teoría de la información se basan en la visión clásica desde la perspectiva de observadores externos. Por otra parte, mostraré que la perspectiva desarrollada por Prigogine, sobre la existencia de una dinámica micro que da lugar a la autorganización, hace que muchas de sus conclusiones sean compatibles con la existencia de observadores internos. Además, trataré de mostrar que el esfuerzo por introducir referentes locales y observadores internos de un modo explícito constituye un aporte notable de los conceptos de entropía formulados por Brooks y Zurek. En este sentido se examinará la contribución que estas visiones aportan al problema de la evolución biológica.

En el capítulo segundo analizaré la noción del dogma central a partir de algunos hitos característicos de la historia de la biología molecular, presentados dentro de un marco interpretativo que utiliza un lenguaje que va más allá de los paradigmas mecanicista y vitalista tradicionales. Profundizaré en la analogía que nos presenta al DNA como el registro de información digital y las enzimas como agentes internos de medición del tipo demonio de Maxwell, portadores de información analógica.

En el capítulo tercero expongo el desarrollo de un punto de vista internalista aplicable a la teoría evolutiva, que parte de la analogía entre sistemas vivientes y demonios de Maxwell; de este modo intentaré elaborar la conexión entre el aporte dado por la termodinámica y la biología molecular. La primera describe procesos energéticos y de autoorganización que no explican la aparición de lo funcional, mientras que la segunda asocia estructura con función sin decir nada sobre cómo se dan los procesos de organización. Este esfuerzo es una contribución a la construcción de un esquema integrador que parte del reconocimiento de los sistemas biológicos como agentes observadores naturales con capacidad semiótica. Por otra parte, concebir la estructuración de los sistemas naturales como resultados de reglas semióticas es un paso fundamental para subsanar la ruptura secular entre las ciencias naturales y humanas. El texto mantiene una unidad en la aparente diversidad temática, puesto que su estructura esta concebida dentro del esquema triádico Peirciano. La *Primeridad* dada por el azar, la energía, la indeterminación. La *Segundidad* dada por la estructuración y determinación que se ilustra a nivel molecular, y la *Terceridad* dada por la capacidad de evolucionar.

Por último, a manera de epílogo señalo que en esta fase del desarrollo del

conocimiento es indispensable transgredir las barreras disciplinarias, dejando de lado el excesivo afán objetivista y verificacionista que anula la actividad subjetiva creadora; esta actividad debe ejercitarse para que contribuya decididamente en la búsqueda de consensos acerca de las posibles alternativas que debe enfrentar el destino incierto de nuestra condición humana.

0.2. Persistencia del vitalismo

Durante el período precedente a la revolución de las ciencias químicas por Lavoisier, los químicos antinewtonianos postularon un concepto activo de materia, según el cual ésta era capaz de organizarse por sí misma, dando lugar a la aparición espontánea de los seres vivientes (autorganización) [11]. Para Diderot, por ejemplo, la materia estaba dotada de “sensibilidad”, en el sentido de que las moléculas que la constituyen tenían la capacidad de elegir (buscar activamente) algunas combinaciones según sus preferencias, excluyendo otras (selección activa, no darwiniana) [12]. Una concepción similar apareció en la Enciclopedia, donde Gabriel Francisco Venel sostenía que la masa y el movimiento solamente explican el aspecto externo de la materia, pero no su verdadera dinámica interior, que debía ser estudiada desde otros puntos de vista no mecánicos [13]. La vida era compatible con la materia, porque ésta presentaba propiedades “internas” que iban más allá de lo mecánico. La vida se genera en un proceso de “interiorización” espontáneo del fluido calorífico que lleva la distinción entre un “fuera” y un “dentro”. Esta interiorización genera la Fuerza vital.

Según Lamarck la “Fuerza vital” obedece a una acción mecánica ejercida sobre las partes sólidas de los seres orgánicos, e inducida por los fluidos sutiles, invisibles, imponderables, penetrantes, expansibles e incontenibles que se mueven incesantemente y penetran los cuerpos con mayor o menor facilidad. El identificó dos fluidos sutiles, el calórico y la electricidad, como causas excitadoras de la vida. Su vitalismo es el materialismo dinámico característico del siglo XVIII que afirmaba que las leyes de la naturaleza que operan sobre la materia no viviente son las mismas que actúan sobre la materia viviente. Para Lamarck la vida es un fenómeno natural y un hecho físico, y rechazó que la materia tuviera vida en sí misma, por el contrario afirmó que las propiedades vitales eran una función de la organización y el movimiento orgánico.

Lamarck, aunque no compartía el concepto de materia *dotada de sensibilidad* elaborado por Diderot, estaba más cerca a este punto de vista, que al concepto de materia *inerte* expuesto por los químicos mecanicistas. El

aceptaba las tesis vitalistas de Boerhaave y Stahl sobre la naturaleza del fuego y la acción de los fluidos y veía en el procesos fisiológicos de la disipación del calor animal un pilar importante del transformismo. La Vida era en consecuencia una disipación permanente de calor regulada ó coordinada por un centro de acción u hogar (*Foyer*). La “Fuerza vital” responsable de una inevitable tendencia a la complejidad creciente a lo largo de la evolución, equivaldría en últimas a la “Fuerza Motriz del Calor”, ó lo que posteriormente se denominó energía. De esta manera podemos entender como el evolucionismo biológico y la ciencia el calor (termodinámica) tuvieron un origen común en el movimiento anti-newtoniano que se vivió en Francia en las postrimerías del siglo XVIII.

Para Lamarck son los seres vivos quienes orientan y dan direccionalidad a los flujos del calor en la naturaleza. Esta idea dieciochesca curiosamente va a encontrar una análoga en el transcurso del siglo XIX, en la forma del demonio de Maxwell que como veremos posteriormente supone un tipo de inteligencia o voluntad capaz de manipular las partículas materiales para orientar el flujo de energía con el fin de obtener un desequilibrio térmico que permita ejecutar un trabajo. Según Césarman [14] la idea del demonio de Maxwell fue rechazada en su época entre otras razones por la connotación vitalista asociada a su hipotética actividad.

Por otra parte, la polémica entre Lamarck y Lavoisier se centraba en la discusión sobre las características de la “materia”. Para Lavoisier la materia debería ser estable e inmutable para poder asociarla a la noción de elemento, y así terminó por adherirse a la concepción mecánica de la materia. Por el contrario, para Lamarck esta percepción no era aceptable, porque a partir de una materia esencialmente inmutable y atómica no se puede explicar con facilidad cómo surgen espontáneamente sustancias químicas “mixtas” (moléculas) y, menos aún, cómo emerge y se transforma la vida. Para Lamarck era más importante definir algún tipo de proceso físico que explicara la organización como algo intrínseco a los sistemas naturales, que discutir sobre la naturaleza de los componentes últimos e inmutables de la materia.

Además, Lamarck se opuso a los sistemas de clasificación biológicas al no reconocer la existencia de barreras entre las especies. Así como entre las diferentes entidades químicas no se pueden levantar barreras de discontinuidad, de modo análogo las especies biológicas no son comunidades de descendencia independientes, sino estados transitorios en la marcha gradual hacia un estado de mayor “perfección” (complejidad). Consecuente con la noción de materia activa, para Lamarck los seres vivos eran ante todo organismos (no mecanismos) capaces de responder activamente, generando desde el interior un proceso que los llevaba no sólo a adaptarse a una circunstancia determi-

nada del entorno, sino a aumentar en complejidad. Para él, los organismos no son entes pasivos sobre los que actúan fuerzas externas, sino seres activos que forcejean para poder ascender en la escala de la naturaleza. En su esquema, los organismos son totalidades autónomas capaces de autoorganizarse. La progresiva adaptación de los organismos sería una consecuencia del uso de los órganos a través de los fluidos orgánicos.

Dice Joan Senent:

“Para Lamarck, el análisis y la comparación en los seres vivos deben hacerse no solamente sobre los elementos constitutivos de sus distintas partes, sino entre las relaciones internas que se establecen entre dichos elementos. El funcionamiento del organismo debe ser tomado como una totalidad, como un conjunto integrado de funciones y de órganos. De este modo, el ser viviente no es una estructura aislada en el vacío, sino que está insertado en la naturaleza con la que tendrá una serie de interacciones” [15].

Si se tiene en cuenta el concepto de materia que estaba detrás de estas formulaciones sobre lo viviente, pierde sentido el carácter desdeñoso asociado a la acusación de “vitalistas” que ha recaído sobre numerosos autores con el ánimo de descalificarlos. Estoy de acuerdo con Canguilhem, cuando expresa que es hora de terminar con la acusación de metafísicos y de fantasiosos que persigue a los químicos y biólogos del siglo XVIII, puesto que el vitalismo no es sino el simple reconocimiento de la originalidad del hecho vital [16]. Este estigma sigue pesando en las postrimerías del siglo XX y hoy más que nunca es imperativa la crítica de este prejuicio.

En las últimas décadas, Ilya Prigogine [12], ha propuesto que la materia lejos del equilibrio manifiesta una dinámica que genera procesos de autoorganización, en los cuales se dan elecciones entre posibles soluciones. Parece que en el ocaso del siglo XX se asistiera a un inevitable resurgimiento del vitalismo.

Por otro lado, existe una estrecha relación entre las nociones de “afinidad” desarrolladas en la química y la “selección” en biología evolutiva. La dificultad para erradicar esta contaminación vitalista presente en la idea de selección estuvo entre las motivaciones que llevaron a un desarrollo mecánico y malthusiano de esta idea en términos de supervivencia del más apto. Sin embargo, como intentaré desarrollar a lo largo del libro, la idea de selección y reconocimiento es fundamental para la biología y ha marcado una barrera con respecto a la física, que, a pesar de haberla intuitido, realmente no la ha incorporado a su cuerpo teórico.

Bowler [17] y Lewontin [18] independientemente coincidieron en señalar que el Lamarckismo como tal no fue refutado, sino que hubo un desplaza-

miento de intereses que favorecieron el estudio de la herencia mendeliana y la búsqueda de mecanismos que explicaran la génesis de la variabilidad (mutacionismo). Este último era necesario para darle fundamento sólido a las posturas darwinistas que pasaban por franca crisis a fines del siglo XIX, ante la imposibilidad de explicar el origen de las variaciones adaptativas.

En las últimas décadas, autores tan diversos como Waddington[19], Steele [20], Cairns[21], Wesson[22], entre otros, reconocen la pertinencia del lamarckismo para explicar los procesos adaptativos. Anotemos que el tema de la herencia de los caracteres adquiridos se derivaba de su concepción sistémica sobre la vida, y que no es interpretable en términos de las teorías genéticas de la herencia; en este punto, Lamarck habla un lenguaje completamente diferente. Sin embargo, este concepto, anatematizado por la comunidad científica ortodoxa, ha dado vía durante los últimos decenios a reinterpretaciones tales como “asimilación genética”, y “retroacciones cibernéticas” ó “acoplamientos estructurales recíprocos” entre: organismo-entorno, genotipo-fenotipo, y DNA-proteínas [23, 24, 25].

En el presente estamos ante dos alternativas:

1. Continuar con la mecanización de la biología.
2. Intentar desarrollar una Física a imagen de la Biología.

La primera opción significa continuar privilegiando la observación externa y los programas de investigación que han puesto en evidencia la insuficiencia del mecanicismo para explicar los orígenes de la vida, la evolución, el desarrollo, la organización, la cognición, etc.

La segunda opción, al reconocer en la naturaleza la existencia de un proceso o actividad interna análogo a la “observación” y el reconocimiento específico, abre el camino para eliminar la brecha entre lo no vivo y lo vivo, permitiendo apreciar la vida como un fenómeno que expresa con una intensidad peculiar el cumplimiento de las leyes físicas. De hecho, la física ha comenzado a adoptar metáforas propias de la biología y ha reconocido la creatividad y el azar, así como el carácter dinámico e irreversible inherente a la naturaleza del cosmos y a la organización material. Igualmente, el fenómeno de la “observación interna” ha gozado de un reconocimiento tácito en la formulación de los dos grandes conceptos que han iluminado el curso de la biología en el último siglo: la *Selección* y la *Información*; ahora de lo que se trata es de mostrar su compatibilidad con las leyes físicas. Sin embargo esta ambición es imposible de realizar sin sustituir la noción de ley física por una más flexible y biológica, que de cuenta de la regularidad

y la constancia de los comportamientos, no como el cumplimiento de una ley absoluta e inexorable sino más bien como una cualidad propia de toda entidad física que soporta interacciones o reconocimientos específicos. Al intentar desarrollar una física inspirada en la biología comprenderemos como la energía que mueve el universo, es la misma que hizo altamente probable la vida, la cual no puede ser ajena a la naturaleza que le dio origen sino que aparece como su más representativa manifestación.

Seguramente, lo que veremos en el futuro inmediato es un ajuste impredecible entre las descripciones resultantes de la observación externa clásica (mecanicista) y las que podrían generarse desde una perspectiva internalista; este trabajo es una contribución en ese sentido.

Capítulo 1

Un recorrido desde la observación externa a la interna en termodinámica y teoría de la información

Aunque la termodinámica y el evolucionismo biológico comparten una tradición común que se remonta al movimiento antinewtoniano que sacudió a Francia en la segunda mitad del siglo XVIII [26], la controversia entre ambas disciplinas se instauró en el momento en que se pensó que la vida viola la segunda ley. Pero, ¿en qué consiste dicha ley?, ¿En qué se fundamenta la contradicción entre evolución y entropía? Con el fin de examinar el alcance de este concepto, debemos aclarar sus significados, puesto que: “El uso de la termodinámica en biología tiene una historia larga, rica en confusión” [27], confusión que, como veremos a lo largo de esta presentación, tiene su origen en la utilización simultánea de puntos de vista elaborados desde referenciales opuestos.

Existen varios desarrollos de la entropía, que denominaré de la siguiente manera:

1. Aproximaciones externalistas o clásicas, en las que los sistemas se estudian dentro de unas condiciones de entorno estables y definidas que permiten la elaboración de una descripción consistente. Tales condiciones se satisfacen en sistemas cerrados, o en sistemas en que una serie de parámetros se mantienen constantes. Los sistemas investigados corresponden a escalas distintas del observador, quien escoge el referencial

para una descripción objetiva. Como casos representativos se examinarán las contribuciones de Rudolph Clausius y Ludwig Boltzmann en termodinámica, y por extensión, la llamada entropía de Shannon en teoría de la información.

2. Aproximaciones internalistas. Desde esta óptica se considera que la dinámica microscópica tiende de por sí a la producción de una descripción en la forma de un registro. En consecuencia, se intenta comprender el sistema objeto de estudio como el resultado de un proceso provocado por un observador natural ubicado en su interior. Este tipo de perspectiva se facilita cuando los sistemas investigados corresponden aproximadamente a la misma escala del observador, en este caso las condiciones de entorno se definen en un nivel puramente local, a partir del cual se busca producir descripciones dinámicas o evolutivas del sistema. Estas descripciones son necesariamente “subjetivas”, provisionales y siempre en proceso de ejecución. Siguiendo este hilo conductor se examinarán las contribuciones de Ilya Prigogine, Daniel Brooks, y Wojciech Zurek. Para entender a este último autor se hace necesario incluir los conceptos de entropía algorítmica de Chaitin y de la teoría de la codificación de Shannon.

1.1. Aproximaciones externalistas

1.1.1. Entropía termodinámica

En los albores del siglo XIX tuvo lugar la revolución energética que comenzó con el estudio de “la fuerza motriz del fuego” o del flujo calorífico por los ingenieros Lázaro y Sadi Carnot. Este interés estaba motivado por el deseo de mejorar la eficiencia de las máquinas de vapor de acuerdo a las exigencias de la naciente revolución industrial. Se consideraba entonces, que el calor era un fluido que pasaba espontáneamente de un cuerpo a otro para mantener un equilibrio. Su interés era investigar si existía o no un límite impuesto por la naturaleza al proceso de transformación del calor en trabajo. Sadi Carnot en 1824 describió los flujos de calor tomando como modelo el funcionamiento de una máquina ideal de máxima eficiencia. Así como una máquina debería reducir al mínimo la fricción eliminando todos los cambios abruptos en el movimiento que provocan una pérdida irreversible de la “fuerza viviente”, la máquina térmica ideal tendría que evitar el contacto directo entre cuerpos a diferente temperatura. Por tanto, el ciclo de operación de la máquina debía diseñarse de manera que no ocurrieran cambios de

temperatura a consecuencia del flujo producido por el contacto directo entre cuerpos a diferente temperatura. De esta manera se buscaba minimizar la pérdida de la eficiencia¹.

En 1834, Sadi Carnot sentó los fundamentos de la termodinámica al demostrar que la eficiencia de las máquinas de vapor, en condiciones ideales y reversibles, depende de las diferencias de temperatura de las fuentes de calor entre las cuales opera. Si dos máquinas ideales y reversibles trabajaran con diferente eficiencia, éstas podrían conectarse para producir trabajo mecánico. Posteriormente, Joule demostró que el calor y la energía mecánica son convertibles entre sí, dejando sin fundamento la idea de que el calor (o “la fuerza motriz del fuego”) era un fluido, y paso a concebirse como materia en movimiento, o la excitación de una masa de partículas dotada de un movimiento caótico.

La primera ley, formulada por Rudolph Clausius y William Thompson (Lord Kelvin) en 1851, afirma que en un sistema cerrado la cantidad total de energía permanece constante, pero no dice nada sobre su disponibilidad. La segunda ley aborda el problema de la disponibilidad de la energía, cuando afirma que en un sistema cerrado donde se ha realizado trabajo, siempre hay pérdida de la cantidad de energía útil.

Esta pérdida fue calculada para la máquina de vapor que convierte calor en energía mecánica. Clausius demostró que es imposible construir un dispositivo capaz de convertir el calor generado por un reservorio, a temperatura uniforme, en trabajo, y que el calor no puede transferirse espontáneamente de un cuerpo frío a uno caliente. Clausius acuñó el término entropía en 1865, para definir una relación que permanecía constante durante una serie de ciclos caloríficos de expansión y contracción, ideales y reversibles. Esta relación era el calor intercambiado a temperatura absoluta. Clausius demostró que esta relación era constante y que por tanto debería corresponder a una cantidad física real. Esta cantidad habría de permanecer constante en procesos reversibles ideales e incrementarse en los procesos irreversibles reales. Esta ley implica, por consiguiente, que todos los procesos naturales generan entropía y se expresa como: $dS \geq \frac{dQ}{T}$, donde Q es la cantidad de

¹La máquina de Carnot produce una transferencia de calor entre dos fuentes a diferente temperatura sin que medie ningún contacto entre cuerpos a diferente temperatura. El ciclo esta dividido en cuatro fases. Durante las dos fases isotérmicas el sistema está en contacto con una de las dos fuentes. Cuando está en contacto con la fuente caliente absorbe calor y se expande, cuando está en contacto con la fría pierde calor y se contrae. Las dos fases isotérmicas están unidas por dos fases adiabáticas en que el sistema está aislado de las fuentes térmicas, y el calor ni entra ni sale del sistema, pero la temperatura cambia como resultado de la expansión o compresión.

calor transferido, S es la entropía o medida de la cantidad de energía que necesariamente se pierde, y T es la temperatura absoluta.

Según Clausius los intercambios energéticos que ocurren en la máquina de Carnot son de dos tipos:

1. Intercambios con el medio externo. Se trata de cambios que pueden controlarse desde afuera para obtener trabajo útil y teóricamente pueden ser reversibles. $\Delta S_{\text{exterior}}$ expresa el cambio determinado por las condiciones de frontera (por ej: temperatura ambiental).
2. Intercambios al interior del sistema. Disipación o cambios irreversibles que no pueden ser controlados ni aprovechados. $\Delta S_{\text{interior}}$ siempre presenta un valor positivo y expresa el cambio espontáneo hacia el equilibrio. Dada la irreversibilidad de los procesos Clausius postuló: $\frac{dS_{\text{interior}}}{dT} > 0$. De donde: $\Delta S_{\text{total}} = \Delta S_{\text{exterior}} + \Delta S_{\text{interior}} > 0$; $\Delta S_{\text{interior}} > 0$; $\Delta S_{\text{interior}} > \Delta S_{\text{exterior}}$.

En consecuencia, no hay máquina de vapor que pueda transformar energía térmica en mecánica con un 100% de eficiencia, independientemente de qué tan bien aislada y construida esté. En los mejores casos se alcanzan eficiencias entre el 20–30%. Puesto que de acuerdo con esta ley la transformación de energía va acompañada de pérdida, después de cada ciclo habrá menos energía disponible, de modo que la máquina irá desacelerándose hasta detenerse por completo. En consecuencia, la entropía se define como la medida de la cantidad de energía térmica no disponible para ejecutar un trabajo en un sistema cerrado. Según la segunda ley, la existencia de una máquina en movimiento perpetuo es físicamente imposible. Si en todo intercambio térmico se pierde algo de energía aprovechable, llegará finalmente un momento en que no quedará ningún reservorio de calor en el universo. En ese momento el universo experimentará una muerte térmica, un estado terminal de equilibrio donde es imposible producir trabajo o mantener la vida.

La etimología de la palabra entropía corresponde a la voz griega *tropae* que significa transformación, y a la voz derivada *entrepein* que significa girar, cambiar, revertir. Para Clausius la entropía es una cantidad que expresa el contenido o potencial transformacional de un sistema macroscópico. Esta cantidad, siempre en aumento, estaría indicando la direccionalidad preferida de los procesos en la naturaleza. La entropía en un sistema cerrado siempre aumenta. Solamente hay una dirección para los procesos físicos; por ejemplo, el calor fluye de un cuerpo caliente a uno frío y nunca en sentido contrario. La entropía no es sólo una medida de la pérdida de energía, sino también de

la irreversibilidad de un proceso. Puesto que el flujo de energía es direccional en el tiempo, la entropía también es una medida de la irreversibilidad del tiempo.

La aproximación de Clausius es típicamente externalista, por cuanto para poder hacer mediciones impone condiciones o restricciones sobre el sistema de estudio, entre ellas la de tratar los sistemas como cerrados, o sin entradas ni salidas de energía y materiales. Además, la dinámica estudiada es la detectable a nivel macroscópico, siguiendo unas leyes generales que permiten predecir comportamientos en el equilibrio. Igualmente, desde esta óptica se considera a la energía como un flujo continuo haciendo caso omiso de los componentes constitutivos (corpúsculos) del sistema.

1.1.2. Entropía de Boltzmann

El concepto de entropía también se usa en el sentido de desorganización o desorden. Esta segunda presentación, derivada del trabajo de Ludwig Boltzmann, permite concebir la entropía como una medida del desorden o azar en un sistema cerrado. Es importante entender la trascendencia de este planteamiento. Los conceptos newtonianos de espacio y tiempo absolutos, asociados a las leyes mecánicas, generaron una concepción del mundo físico como un sistema cerrado dominado por una causalidad determinista. Por tanto, era de esperarse que la aplicación de la mecánica a las partículas más pequeñas produjera una visión definitiva y unificadora de la naturaleza. Una inteligencia suficientemente vasta o un demonio de Laplace —que se informara de la posición y velocidad de todas y cada una de las partículas en un momento determinado— podría predecir todos los estados futuros, generando una descripción coherente y global del universo. Sin embargo, para poder resolver las ecuaciones de Newton sería necesario conocer simultáneamente la posición y velocidad de todas las partículas, lo cual es imposible. Por consiguiente, el proyecto de describir el curso de todos los procesos individuales en términos deterministas tuvo que ser abandonado. No obstante, en el siglo XIX, a pesar de la ignorancia sobre los casos individuales, fue posible hacer predicciones aplicables a poblaciones, basadas en los promedios calculados sobre una muestra de individuos. Entre mayor era la muestra (tamaño de la población estudiada), la predicción era más exacta, de acuerdo con las leyes estadísticas y el cálculo de probabilidad. De este modo, por analogía con los estudios poblacionales, propiedades como la presión y la temperatura de un gas deberían ser tratadas como la resultante estadística del comportamiento de cada una de las partículas.

Maxwell y Boltzmann aplicaron los conceptos estadísticos, proponiendo

la entropía como una nueva variable de estado² estrechamente asociada a la temperatura. La temperatura, una propiedad intensiva³, que se correlacionaba con una propiedad promedio de las partículas individuales. Por otra parte, debería existir la entropía, o una variable extensiva⁴ complementaria de la temperatura, sin la cual el conocimiento del estado térmico de un conjunto de partículas sería insuficiente.

En el siglo XIX era evidente la contradicción entre la entropía, que impone una dirección en el tiempo a los procesos físicos, y el comportamiento a escala atómica donde no hay tal direccionalidad. Boltzmann tomó como modelo la difusión, en un volumen determinado, de moléculas concebidas como esferas sometidas a movimientos aleatorios, con mayor o menor rapidez según la temperatura. El gas, inicialmente confinado en algún punto del sistema, se difunde espontáneamente en el volumen disponible. Una vez que se ha esparcido uniformemente, no se observan cambios en las concentraciones del fluido, las partículas nunca se reagruparán de un modo similar a las condiciones iniciales. De este modo la ciencia se fue liberando del concepto de reversibilidad.

Boltzmann y Maxwell utilizaron el análisis estadístico para explicar las prohibiciones señaladas por Clausius debidas a la segunda ley. Para el caso de un gas encerrado en una cámara cerrada definió la proporción de moléculas que se mueven a $\frac{1}{2}$ de la velocidad promedio, la proporción que se mueve $\frac{4}{3}$ del promedio, etc. Para tal efecto representaron todos los estados posibles de energía como pequeñas celdas. Una celda que define un estado energético muy alto debía restringir la distribución de las otras a fin de que la energía cinética promedio se mantuviera constante. Por tanto resultaba altamente improbable que la mayoría de las moléculas se apiñaran en pocos compartimentos de alta energía y que el resto se ubicara en las celdas de baja energía. Por el contrario resultaba mucho más probable que los estados de energía exploraran el rango completo de posibilidades (sistema ergódico), poniéndose en evidencia la existencia de muchas maneras diferentes de repartir las moléculas en las celdas, que conducían a la realización de los mismos macroestados energéticos. Así las cosas, algunos macroestados son intrínsecamente más probables que otros. A medida que el número de posibles microestados correspondientes a un macroestado aumenta, el macroestado se hace

²Las propiedades que sirven para describir el estado de un sistema se denominan variables termodinámicas. Sin embargo para caracterizar el sistema solamente son necesarias algunas de estas propiedades, denominadas variables de estado

³La temperatura equivaldría a la fuerza motriz derivada de la energía cinética de las partículas y no de la cantidad total de las mismas.

⁴Dependiente de la cantidad de partículas.

más degenerado porque contiene múltiples maneras de codificar la misma información.

De acuerdo con la formulación de Boltzmann debemos entonces definir “orden” y “desorden”. Supongamos que dividimos el espacio en pequeños elementos de volumen o celdas. Si tenemos moléculas de dos clases (negras y blancas), preguntamos, ¿de cuántas maneras podemos distribuir las moléculas entre las celdas, imponiendo la restricción de modo que las blancas ocupen un lado y las negras el otro? En el mismo sentido, ¿de cuántas maneras podemos distribuir las moléculas sin ningún tipo de restricción o interacción química entre ellas, de modo que tanto las blancas como las negras puedan llenar todo el volumen?

○	○	●	●
○	○	●	●
○	○	●	●

a. Desequilibrio: Rejillas cuatro por tres que muestran un arreglo con bolas blancas y negras en que un microestado satisface el macroestado

○	●	○	●
●	○	●	○
○	●	○	●

●	○	●	○
○	●	○	●
●	○	●	○

○	●	●	○
●	○	○	●
○	●	○	●

●	○	●	○
●	○	○	●
○	●	●	○

b. Equilibrio: algunos arreglos entre los numerosos microestados que satisfacen el macroestado.

FIGURA 1.1. Microestados compatibles con macroestado

Supongamos que un macroestado, en el caso particular de un gas, está caracterizado por ciertos valores de presión y temperatura, propiedades que aparecen como consecuencia estadística del movimiento de un número muy alto de moléculas. Si dividimos el volumen que ocupa dicho gas en pequeñas

celdas, encontraremos que cada una estará ocupada por un cierto número de moléculas. Si suponemos que las moléculas son idénticas, el intercambio, una a una, entre las celdas deja intacto el macroestado; es decir, las propiedades que lo caracterizan no varían. Con base en la entropía de Boltzmann, un macroestado puede ser compatible con muchos microestados⁵, para un gas confinado a una única celda habría un microestado único para un macroestado específico, pero a medida que levantamos la restricción y el gas ocupa un número mayor de celdas, el número de arreglos posibles entre las moléculas aumenta; es decir, se incrementa el número de microestados compatibles con el macroestado. El número de microestados posibles se hace máximo en el equilibrio, cuando la distribución de las moléculas ocupa todo el volumen (véase figura 1.1). De este modo en el equilibrio la probabilidad termodinámica es máxima, y coincide con la entropía máxima para sistemas cerrados. Para un conjunto de N partículas distinguibles que ocupa una caja de dos compartimentos iguales, el número de distribuciones posibles entre los compartimentos está dado por $P = \frac{N!}{N_1!N_2!}$ donde N_1 equivale al número de partículas en el primero y $N_2 = N - N_1$ en el segundo. Para cualquier población, entre mayor sea el número de microestados, menor será la diferencia entre N_1 y N_2 . El número de microestados es máximo cuando la población está dividida por igual en dos mitades para valores de N del orden del número de Avogadro, la gran mayoría de las distribuciones posibles corresponde a la distribución $N_1 = N_2 = \frac{N}{2}$. Para sistemas compuestos de un gran número de partículas, todos los estados que difieren del estado que corresponde a la equi-distribución son altamente improbables y se presentan con frecuencias que satisfacen la distribución estadística de Boltzmann.

Claramente se puede mostrar que hay más arreglos posibles en el caso de la distribución uniforme o equilibrio que en el desequilibrio, cuando las partículas están confinadas a una subregión. Mientras más mezclado o aleatorio sea el estado final, más probable será, porque habrá más configuraciones que conduzcan a él. Según esta fórmula, la entropía aumenta con la probabilidad de una distribución dada, siendo más probable la más dispersa. En el límite, en el caso de orden completo en el cero absoluto, cuando el estado del sistema se realiza de una única manera, $P = 1$; $S = 0$. En el otro extremo, cuando el sistema está en equilibrio a una temperatura diferente del cero absoluto, el desorden o el número de microestados es máximo $P = P_{\text{máx}}$; $S = S_{\text{máx}}$.

En consecuencia, el “desorden” se mide por el número de arreglos o configuraciones micro que pueden darse para explicar un determinado ma-

⁵Los microestados corresponden a los arreglos posibles de las partículas en las celdas.

croestado. Ejemplo: hay 8 maneras de colocar tres partículas en dos compartimentos, 6 en que tenemos la distribución 2:1, y 2 con la distribución 3:0. Las probabilidades para los macroestados serán $\frac{6}{8} = 0,75$ y $\frac{2}{8} = 0,25$ respectivamente. Por tanto la distribución 2:1 es mas desordenada que la distribución 3:0.

La entropía de Boltzmann corresponde al producto de la constante, k , por el logaritmo del número de arreglos posibles o microestados. $S = k \ln P$ donde S es la entropía, $k = 1,38 \times 10^{-23} \frac{\text{Joule}}{\text{K}}$ es la constante de Boltzmann que correlaciona la energía cinética promedio con su temperatura y que permite asignar a la entropía dimensiones de energía; \ln es el logaritmo natural ($= 2,303 \log_{10}$) y P es el número de microestados.

El equilibrio termodinámico se redefinió como la configuración de moléculas que tiene la probabilidad más alta a una temperatura T . Este es el estado en que el sistema no puede ejecutar trabajo, a no ser que se abra al mundo exterior. En conclusión, la segunda ley corresponde a la tendencia espontánea que presentan los estados energéticos a asumir la distribución más probable.

Boltzmann no desafió el postulado clásico de que cada colisión es en principio reversible, su genialidad consistió en afirmar que la probabilidad de revertir fenómenos termodinámicos era tan baja que equivaldría a una imposibilidad física. Mas aún la visión mecanicista clásica salía bien librada por cuanto se evidenciaba que la irreversibilidad de la física descansaba sobre el postulado atomista, de modo que la naturaleza indiscutible de los fenómenos irreversibles era suficiente para demostrar la realidad de los átomos.

Hay que tener en cuenta que el número de microestados sólo se puede establecer dividiendo artificialmente el espacio en pequeños elementos de volumen, y esta división es arbitraria, puesto que no hay una regla que nos indique cómo debemos hacer esta división o parcelación del espacio, ni sobre cuál debe ser el tamaño de las celdas [28]. En este caso, las entropías calculadas dependen de la escala de tamaño empleada, lo cual contradice la pretendida objetividad de los cambios de entropía postulada por la termodinámica clásica (véase figura 1.2).

No existe una regla general de parcelación, aplicable a un sistema real, que permita determinar este tipo de entropía. En cada caso particular deben definirse ciertas convenciones y condiciones que permitan la cuantificación. Es imaginable que la teoría cuántica permita algún día definir una regla para parcelar o definir el tamaño de las celdas de volumen y otra situación física real; mientras tanto, las estimaciones de entropía tendrían un elemento subjetivo propio del sistema de clasificación [28]. Es decir, las parcelaciones se hacen a la escala de los sistemas observadores y por tanto solamente la

definición de la escala de observación permite establecer una regla de aplicación local. En conclusión, es imperativo introducir el sistema observador dentro del sistema de estudio.

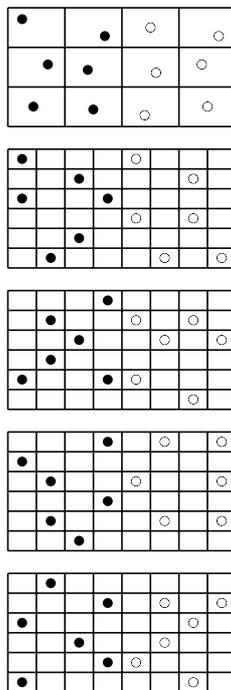


FIGURA 1.2. Aumento del número de microestados como resultado del incremento en la capacidad de resolución de las rejillas. Compartimientos con distribuciones de bolas y diferentes rejillas o parcelaciones, 4×3 y 8×6 . Al introducir la rejilla más fina podemos distinguir un número mayor de microestados.

A nivel microscópico, una colisión de partículas elásticas se ve igual tanto si va hacia adelante como hacia atrás; en otras palabras, mientras que los procesos a nivel macroscópico eran irreversibles, a nivel microscópico eran reversibles. Boltzmann reconcilió la descripción microscópica con la macroscópica gracias a la aplicación de las leyes estadísticas y de probabilidad, que le permitieron demostrar que las propiedades termodinámicas de los sistemas macroscópicos se pueden explicar en términos de la actividad colectiva de los átomos que la componen. Aplicando el modelo de gases ideales en sistemas cerrados, demostró que el calor se distribuía rápida y uniformemente por todo el gas de acuerdo con lo predicho por la segunda ley. Igualmente, mostraba que dos gases diferentes a la misma temperatu-

ra deberían mezclarse íntimamente al repartirse de manera uniforme por el recipiente. Desde que Boltzmann asignó unidades físicas a la constante que lleva su nombre, la palabra entropía comenzó a utilizarse en el proceso mecánico de mezcla de partículas. Esta constante correlaciona la energía cinética promedio con su temperatura, asignándole a la entropía dimensiones de energía.

“Con el fin de asignar los valores reales de entropía a estos compartimientos, deberíamos preocuparnos poco acerca de las unidades que se escogen (metros, Joule, kg., Kelvin, etc.) . . . no importa en esencia qué unidades se escogen de hecho. Sin embargo, por claridad (para los expertos), déjeme decir que tomaré unidades naturales, tal como están dadas por las reglas de la mecánica cuántica, y para las cuales la constante de Boltzmann tienen un valor de la unidad: $k = 1$ ” [29].

En otras palabras, la constante de Boltzmann obliga a la utilización de un único tipo de rejilla para parcelar los espacios, descartando el papel subjetivo del sistema observador.

La importancia de la aproximación de Boltzmann es invaluable puesto que, por medio del tratamiento estadístico, legítima y reconcilia la utilización simultánea de dos niveles de observación: el microscópico y el macroscópico. Este modo de pensar no sólo encuentra aplicación en las ciencias físicas sino sobre todo en las biológicas donde, dada la organización jerárquica, se puede hablar de distintos niveles o referenciales de la observación. Sin embargo, para Boltzmann la descripción a nivel de lo micro queda subordinada a la macro, al asumir la constancia de los parámetros o restricciones externas que afectan cada uno de los eventos individuales. Esta constancia se obtiene para sistemas cerrados. Por el contrario, para sistemas abiertos el problema de cómo reconciliar una descripción microscópica (local) con una macroscópica (universal) no queda resuelto con la utilización de las leyes de probabilidad, por cuanto los parámetros que actúan sobre cada evento individual pueden variar como consecuencia de la interacción entre los elementos del sistema en condiciones de apertura al flujo de energía y materiales.

La aproximación estadística supone que las partículas no interactúan entre ellas; es decir, que se desconocen mutuamente, hecho que explica por qué las probabilidades de los eventos individuales se toman de manera independiente. El desconocimiento de la interacción entre las partículas equivale a negar la posibilidad del acto de observación interno. En conclusión, el tratamiento de Boltzmann funciona dentro de parámetros predefinidos, siempre y cuando evitemos introducir observadores internos que, al definir condiciones de entorno circunscritas a su esfera de interacciones, disipan energía que actúa como fuente constante de aleatoriedad.

Resumiendo, Boltzmann tuvo como propósito reconciliar las propuestas de Clausius con la visión atómica de la materia, por medio del análisis estadístico. Los cambios irreversibles corresponderían a la transición del sistema a un estado macroscópico de mayor probabilidad. Los estados más probables corresponden a aquellos que pueden ser satisfechos por un mayor número de microestados. El desplazamiento hacia el equilibrio equivale al movimiento espontáneo hacia macroestados de mayor probabilidad que son los más homogéneos a nivel macroscópico (desorden molecular). Al extender la revolución de la probabilidad a las profundidades del mundo natural, Maxwell y Boltzmann trataron de proteger la física clásica cambiando su ontología tradicional en una estadística, este hecho trajo como resultado una profunda revisión del programa mecanicista que habría de repercutir de manera especial en los desarrollos que tomo el darwinismo durante el siglo XX. El darwinismo experimentaba dificultades para acomodarse al modelo Newtoniano, razón por la cual las explicaciones sustentadas en la biología del desarrollo que preservaba la idea de fenómenos irreversibles que confieren direccionalidad a la vida gozaban de un atractivo especial entre los biólogos, a pesar de ir en contra vía de la visión mecanicista tradicional. La introducción de la irreversibilidad en el mundo físico ayudó a atenuar esta tensión. Aunque Darwin seguramente conoció los planteamientos de Carnot no conoció los desarrollos de Boltzmann y Maxwell que hubieran enriquecido su visión.

Por otra parte existe una restricción en la determinación del número de microestados de un sistema relacionado con el nivel de resolución del sistema observador. Para superar esta limitación Boltzmann utiliza un estándar de resolución válido para todos los sistemas que tiene que ver con el uso de parámetros determinados incluidos en el valor de su constante.

1.1.3. El equilibrio como referencial propio de un observador externo

Para el newtonianismo, el equilibrio consiste en un balance entre fuerzas de acción y reacción, que obedece la ley de acción mínima (masa \times velocidad \times distancia). En este caso el equilibrio se altera y restablece en cada instante, es decir que el universo y la vida se mueven en la cercanía del equilibrio. Para Maxwell y Boltzmann se trata de la homogeneidad macroscópica debida a poblaciones heterogéneas en las que se aplica la ley de los grandes números. El equilibrio es un estado “atractor” hacia el cual tienden los sistemas espontáneamente gracias a la eliminación de asimetrías en las distribuciones de los gradientes de energía.

El equilibrio refleja la temporalidad de los procesos como meta final de un proceso de cambio que ha agotado el potencial para cambios posteriores. En este sentido el equilibrio define un referencial ineludible de cambio, derivado del mecanicismo, en el que cada partícula posee un movimiento inercial en una dirección definida, de la cual se desvía solamente por la acción de fuerzas externas. En cada momento el sistema tiende al equilibrio entre las fuerzas de inercia y las fuerzas externas.

La termodinámica entiende el equilibrio como aquella configuración donde las propiedades macroscópicas de un sistema (presión, volumen, temperatura, composición química) no cambian con el tiempo. La segunda ley establece que en un sistema cerrado la entropía se incrementa hasta alcanzar un equilibrio. La producción interna de entropía por unidad de tiempo siempre es positiva y no cae a cero sino en el momento en que se alcanza el equilibrio; es decir, cualquier sistema que ejecuta un trabajo (expansión gaseosa) continuará cambiando hasta que llega al equilibrio. El equilibrio es un estado estable que solamente puede alterarse por medio de cambios físicos externos, abriendo el sistema para permitir la entrada y salida de materia y energía. El incremento irreversible de entropía corresponde al aumento del desorden molecular, por medio del olvido gradual de las condiciones de asimetría iniciales. Es decir que para un sistema aislado todas las configuraciones conducen a una evolución hacia un atractor o estado de equilibrio (independientemente de su estado inicial).

De acuerdo con el tratamiento de Boltzmann, las fluctuaciones internas podrían dar lugar a decrecimientos locales de entropía a nivel microscópico que terminarían por cancelarse estadísticamente. De este modo, el equilibrio corresponde al estado en que una multitud de eventos microscópicos (las oscilaciones de los átomos) se anulan estadísticamente, impidiendo que se afecten las propiedades macroscópicas. En el equilibrio no hay lugar para que las perturbaciones internas se amplifiquen transformando el sistema, sino al contrario, toda acción perturbadora genera una reacción en sentido opuesto que hace regresar el sistema a la situación de equilibrio. En el estado de equilibrio los sistemas no presentan ninguna tendencia a cambiar sus propiedades. En la cercanía al equilibrio los gradientes son pequeños y las relaciones entre flujos y fuerzas tienden a hacerse lineales, de modo que cada desequilibrio entre dos ó más puntos del sistema, provoca la aparición de muchos flujos que tienden a restaurar el equilibrio. De acuerdo a lo anterior, en el equilibrio la distribución de las desviaciones de las probabilidades con respecto al valor promedio se ajusta a una curva tipo Gauss que expresa la simetría del sistema alrededor de este punto. En el equilibrio cabría esperar reversibilidad, puesto que no se puede inferir ninguna distinción entre pasado

y futuro a partir del comportamiento de la entropía que ha alcanzado un valor máximo.

La condición para alcanzar el equilibrio es aplicable únicamente para sistemas cerrados (sin flujo de energía y/o materia), hecho que lleva a la conclusión de que se trata de una idealización que seduce porque permite predecir procesos que presentan un patrón de cambio lineal. Tenemos que el determinismo como buena aproximación funciona, pero sólo en la cercanía al equilibrio.

En el equilibrio, el número de arreglos microscópicos es extremadamente alto, aproximándose a un valor máximo. Una de las propiedades estadísticas del equilibrio es la ergodicidad, de acuerdo con la cual en el curso del tiempo cada microestado posible acontece en la realidad. Si calculamos el tiempo necesario para que cada configuración ocurra (tiempo de recurrencia de Poincaré), obtendremos un lapso mucho mayor que la edad estimada del universo. Es decir, no todas las configuraciones a nivel micro tienen oportunidad de ocurrir.

Sin embargo, las discusiones precedentes no pueden hacernos olvidar que en sistemas reales, debido a la fricción, el equilibrio no se alcanza de un salto. Todos los procesos reales son irreversibles a causa de que únicamente se puede acceder espontáneamente en un tiempo dado a algunos estados; es decir, no todos sus estados posibles son accesibles en un momento determinado. En otras palabras, el sistema no puede acceder a todas las configuraciones posibles al mismo tiempo, o sea que la marcha hacia el equilibrio debe transcurrir gradualmente.

Si en un proceso de difusión se estudia la longitud promedio de los caminos que pueden ser recorridos por las moléculas libres de restricción a medida que se aproximan al equilibrio, se constata que al inicio hay un incremento debido a que el espacio libre para la difusión ha aumentado. Pero, a medida que transcurre el tiempo, el espacio disponible para la expansión disminuye, puesto que el espacio ocupado ejerce una restricción sobre la difusión de las moléculas (se trata de un proceso a volumen constante). De este modo, a medida que un sistema se aproxima al equilibrio, más difícil se hace avanzar en esta dirección y, por tanto, nunca lo alcanza completamente. La tendencia a expandirse se va perdiendo a medida que se acumula entropía, [30]. (véase figura 1.3).

La entropía da la direccionalidad del tiempo evolutivo. Las posibilidades de cambio se van agotando a medida que nos acercamos al equilibrio, a la muerte térmica como meta inevitable que espera al final del tiempo. Por consiguiente, en la cercanía al equilibrio, la vida sería un mero accidente que surgió en contra de todas las probabilidades, o con una probabilidad

cercana a cero, es decir, prácticamente imposible. La cercanía al equilibrio no da posibilidades físicamente realistas para la aparición y evolución de la vida.

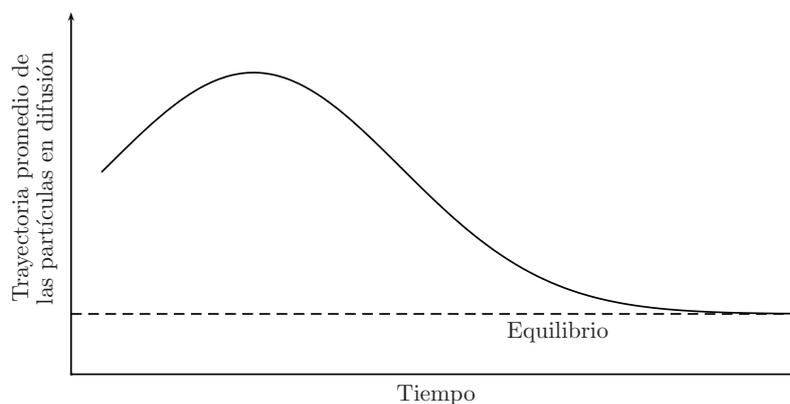


FIGURA 1.3. Trayectoria promedio de las partículas en difusión en un medio cerrado a volumen finito. El incremento inicial refleja el hecho de que la superficie del frente de difusión se expande al principio en un medio relativamente libre de fricción. Posteriormente se contrae a medida que el volumen del gas se llena, acercándose al equilibrio [30].

1.1.4. Neodarwinismo y entropía de Boltzmann

Hacia 1920 la genética de poblaciones se estaba convirtiendo en una ciencia “dura” gracias al proyecto de Ronald Fisher que tenía como objetivos:

1. Entender las poblaciones no como agregados de organismos sino como la resultante de la dinámica de un número muy alto de genes.
2. Buscar una teoría de la selección natural que unificará la física con la evolución biológica dentro de lo que se denominó la revolución de la probabilidad.

Fisher estudio las trayectorias de genes en las poblaciones a través de la óptica probabilística con que Boltzmann y Maxwell trataron a las moléculas de los gases, de manera que la correlación “microestados-macroestados” correspondería a la correlación “genotipos-fenotipos”.

Fisher utilizó el análisis estadístico para distinguir las variaciones debidas a factores no-heredables, de las heredables. A estas últimas las dividió en

componentes no-aditivos (efectos de dominancia, ligamiento, epistasis, pleiotropía) y aditivos (efecto de alelos únicos sobre los que puede actuar la selección natural de modo aditivo y determinista). Los efectos de cada alelo en la población son mínimos y por tanto juegan un papel muy modesto en la determinación de las características fenotípicas. Pero es justamente en estas condiciones en que la selección natural puede actuar [31]).

Fisher asoció el gradualismo Darwiniano con la genética de poblaciones, al postular la acción de la selección sobre minúsculas variaciones heredables de carácter aditivo. Así, la selección natural se constituyó en la causa del cambio evolutivo en la medida que afectaba la distribución estadística de las frecuencias génicas. Las poblaciones se trataron como colecciones de genes, en la que cada gen poseía una frecuencia derivada de la proporción de individuos que lo llevan. La evolución se estudió como el cambio en las frecuencias génicas en la población. En realidad, esta distribución de las frecuencias tiende a ser estable para poblaciones numerosas, con apareamiento aleatorio, sin mutación, ni migraciones, ni selección. La evolución adaptativa se produce con mayor efectividad en poblaciones con cruce aleatorio sometidas a la selección natural de pequeñas características heredables.

“Causas especiales, como la epistasis, pueden producir alejamientos, los cuales se esperarían fueran muy pequeños, con respecto a la simplicidad general de los resultados; la investigación integral puede compararse con el tratamiento analítico de la Teoría de los Gases, en la cual es posible hacer las suposiciones más variadas como las circunstancias accidentales, ó la naturaleza esencial de las moléculas individuales, y todavía desarrollar las leyes del comportamiento de los gases” [32].

Debido a su concepción física referida a sistemas cerrados en la cercanía del equilibrio, Fisher dejó de lado las interacciones de los organismos con su entorno, subestimando la dependencia que el coeficiente de adecuación (*fitness*) tiene con respecto del medio ambiente. Fisher minimizó hasta el extremo la dependencia del contexto y menosprecio los casos en que la evolución no produce ningún beneficio adaptativo.

El teorema de Fisher propone que la tasa de aumento del coeficiente de adecuación (*Fitness*) de cualquier organismo en cualquier momento es igual al efecto aditivo de la variación genética en términos de adecuación en ese momento. En otras palabras, la tasa de selección en una población de alelos es una función de la cantidad de variación genética disponible, independiente y aditiva. La selección natural se acelera⁶ en función de la variación utilizable

⁶En la naturaleza la tasa de selección se acelera con la cantidad de variación disponible. Se trata de una ley cuantitativa, por ejemplo un gen es más adecuado que otro, si gana en

incorporada a la población. A medida que la selección natural actúa sobre la variación, necesariamente lo hace de manera que aumenta la adecuación de la población. El coeficiente de adecuación (*Fitness*) está definido como tasa reproductiva la cual está relacionada con la adaptación. El sistema se mueve hacia el estado de máxima *fitness*, aunque este estado es inalcanzable, en ese momento la población se estabiliza en un estado de equilibrio Hardy-Weinberg hasta que una nueva variación se incorpore en la población. El cambio es gradual sobre un espectro continuo de variaciones. La continuidad con la tradición Darwiniana se da en tanto cuanto se acepta la primacía de la selección, la gradualidad y la aproximación al equilibrio. [33].

La incorporación de la genética al darwinismo requería de un marco conceptual que permitiera incluir la noción del tiempo y cambio evolutivo como resultante de la acumulación gradual de variaciones. Es decir se trataba de dar un apoyo físico a la noción de selección natural. La idea del equilibrio inspirada en la termodinámica dio la respuesta. Millones de alelos que difieren ligeramente los unos de los otros y capaces de determinar características macroscópicas ligeramente diferentes al entrar en diversas combinaciones, se representan como unidades que se mueven en un espacio en el cual las diferencias más pequeñas se explotan a medida que el sistema se desacelera y se aproxima a un estado de equilibrio donde deja de actuar la selección. La ley de selección natural presentada por Fisher es análoga a la visión estadística de la segunda ley, que explica lo que ocurre cuando los gradientes de energía se transforman en trabajo en un sistema molecular. El equilibrio se concibe como un balance de fuerzas contra un trasfondo de movimiento inercial, ó como un punto hacia el que el sistema se dirige cuando no puede realizar trabajo, no hay más gradientes a explotar y toda la energía potencial se ha transformado en cinética. El equilibrio de Fisher es un equilibrio concebido en términos de energía, y no tanto un equilibrio de fuerzas newtoniano. En este punto la energía no puede ser convertida en trabajo, puesto que la entropía ha alcanzado un valor máximo. El coeficiente

representación en la población en comparación con otros. Un alelo en un locus determinado puede tener una representación de 0.5 en una población a un tiempo t_1 . En un tiempo t_2 puede estar en 0.6, 0.7 o caer a 0.4. Los individuos portadores del alelo o gen favorable tienen más descendencia, por tanto el gen tendrá mayor representación en la siguiente generación y se considera con mayor coeficiente de adecuación (*fitness*). Fisher representa el fenómeno en términos de expansiones en un espacio genotípico. Existe un gradiente de variación en *fitness* más o menos pendiente correspondiente al rango de condiciones que hacen que un alelo tenga más éxito que otro. En tanto haya variación en *fitness*, la selección tendrá lugar. Es decir que selección natural tiene lugar espontáneamente cuando hay gradientes en *fitness*. La tasa a la cual procede el proceso de selección natural se mide por la altura de los gradientes en *fitness*.

de adecuación (*fitness*) al igual que la entropía aumenta hacia un máximo.

Dado que la segunda ley tiene el estatuto de una ley natural de carácter universal, parecía alentador que una ley semejante pudiera gobernar la evolución biológica. Sin embargo la segunda ley conduce al desorden molecular, mientras que la evolución produce una progresiva organización creciente del mundo orgánico.

“Quizás el desarrollo más dramático fue cuando Boltzmann reformuló la segunda ley de la termodinámica, el principio físico central con el cual muchas leyes físicas se entrelazan, en términos de cambios físicos que tienen lugar de lo menos probable a lo más probable, un modo de planteamiento que transmutó la probabilidad de un concepto subjetivo derivado de la ignorancia humana a un concepto central de la realidad física. Mas concretamente, quizás, debemos decir que la confiabilidad en la materialidad física se encontró fluyendo, no necesariamente de la confiabilidad en sus componentes últimos, sino simplemente del hecho que estos componentes son muy numerosos e independientes en gran medida” [34].

Aunque los incrementos de entropía y los coeficientes de adecuación (*fitness*) se mueven en direcciones opuestas, la una hacia el desorden creciente y la otra hacia la organización creciente, deben estar conectadas de un modo más profundo como las dos caras de una misma moneda. Darwin y Boltzmann reflejan las dos tendencias del universo en que vivimos. La selección natural jala hacia arriba evitando la degradación de la disipación entrópica. A medida que el mundo decae como consecuencia de la explotación de los gradientes energéticos, así mismo se mueve hacia arriba por la explotación de los gradientes de *fitness*. El hecho de que ambas leyes tengan la misma presentación estadística nos mueve a abrigar la esperanza que sean explicadas por mismo principio mas universal. Sin embargo la búsqueda de este principio más universal va a llevar a la ruptura con la visión externalista del conocimiento puesto que no se trata del descubrimiento de una ley universal de carácter más general dada *a priori* sino de un principio de acción que por un lado permita entender la vitalidad de la evolución biológica como consecuencia de procesos termodinámicos y que por otro permita ver el mundo físico como poseedor de características autoorganizantes.

1.1.5. Equilibrio, gradualismo y progreso evolutivo

El darwinismo es una teoría del cambio que tiene como referencial el equilibrio. Según Darwin, la eliminación gradual y lenta de los menos adaptados impide el establecimiento del equilibrio, abriendo las compuertas al proceso de la evolución de la vida. Cuando por acción de la selección natural, desde

afuera, se eliminan algunas especies o variantes menos aptas, se genera un estado de alejamiento moderado del equilibrio, produciéndose un espacio o nicho ecológico disponible, que tiende a llenarse inmediatamente en el proceso de restablecimiento del equilibrio. Por acción de la selección los sistemas se desplazan y se alejan de la condición de equilibrio, y a partir de allí buscan espontáneamente un nuevo equilibrio, dado que existe una tendencia permanente a no dejar espacios vacíos en la “economía de la naturaleza”.

La contrapartida del gradualismo, el cambio rápido o repentino, se consideró como una reminiscencia de las concepciones catastrófistas y creacionistas, y por tanto se rechazó como hipótesis válida. Darwin no aceptó la posibilidad de que una fluctuación interna en el momento oportuno pudiera amplificarse y generar un proceso de cambio rápido. La discontinuidad del registro fósil fue explicada como resultado de su estado incompleto y no como un indicio de que la especiación ocurre por saltos súbitos. Por el contrario, al seleccionarse poco a poco las variantes más adaptadas a un determinado entorno, se va eliminando la tensión entre el organismo y el entorno, alcanzándose un estado análogo al de equilibrio que, según Darwin, sólo podría ser perturbado drásticamente por cambios externos en el medio. Al cambiar el medio, las especies menos adaptadas a las nuevas circunstancias irían desapareciendo, dejando a su paso a las más adaptadas, que darían lugar a un nuevo “equilibrio”.

La visión gradualista propia del darwinismo se explica por su inserción dentro del marco referencial del equilibrio. La nueva síntesis neodarwinista profundizó en este esquema al extender la genética mendeliana al nivel de poblaciones por medio de la utilización de la fórmula del equilibrio de Hardy-Weinberg, según la cual las frecuencias génicas deberían permanecer constantes dentro de una población a lo largo de varias generaciones, a no ser que fuerzas exógenas, dadas por las condiciones del medio, hicieran preferir unas variantes sobre otras. El equilibrio debería alcanzarse para poblaciones descriptibles como sistemas cerrados, sin flujo génico y con apareamientos aleatorios sin ningún tipo de restricción. La ley del equilibrio de Hardy-Weinberg desempeña todavía un papel primordial como base de todos los cálculos en genética de poblaciones, a pesar de las condiciones variantes de los parámetros en que evolucionan las especies.

De acuerdo con la segunda ley, el desorden aumenta a medida que los sistemas se aproximan al equilibrio, lo que equivale a afirmar que aparentemente no hay organización espontánea. Esta afirmación concuerda con el sentido común: un objeto roto nunca se repara por sí mismo; sin mantenimiento las cosas se deterioran; sin alimento los seres vivos no crecen y no se desarrollan; sin administración los negocios quiebran; sin confrontación

de las hipótesis la ciencia no progresa. Sin embargo, en contra del sentido común veremos más adelante que la autoorganización si se da en la naturaleza, pero requiere la ejecución de un trabajo y un costo energético que hay que pagar.

Darwin al estar enfrascado en la cosmovisión propia del equilibrio experimento la dificultad que implicaba considerar las etapas más recientes de la evolución como superiores o más organizadas, aunque él mismo haya utilizado la palabra “superior” en varias ocasiones. A raíz de la convicción de Darwin de que el mejoramiento adaptativo estaba implícito en el proceso de selección, se extendió a la naturaleza la fe en el progreso que caracterizó a la era victoriana [26]. Es decir, esta fe surgió y se ha mantenido por razones socioculturales. Por otra parte, el rechazo a toda forma de progreso se alimenta de la concepción estática de un universo mecánico que no evoluciona y que, en caso de hacerlo, lo hace dirigiéndose hacia un equilibrio donde no hay autoorganización y donde la única evolución concebible es pasar de una forma cualquiera o otra variante igualmente probable.

Hoy en día se da una fuerte polémica al respecto. Por un lado, hay neodarwinistas que sostienen que la evolución no muestra una direccionalidad hacia formas de vida más organizadas sino simplemente hacia la producción de diferentes formas. Por ejemplo: “Todas las especies existentes son igualmente evolucionadas” [35]. “No hay progreso en la evolución” [36]. “Todos estamos de acuerdo en que no hay progreso” [37]. “La falacia del progreso” [38].

Por otra parte, hay quienes sostienen que en la evolución sí hay progreso:

“Vista en retrospectiva, la evolución como un todo sin duda tiene una dirección, de lo simple a lo complejo, de dependencia a una relativa independencia del ambiente, hacia una cada vez mayor autonomía de los individuos, hacia un mayor desarrollo de los órganos de los sentidos y del sistema nervioso que transmite y procesa información acerca del estado del entorno de los organismos, y finalmente hacia una cada vez mayor conciencia. Usted puede llamar a esta direccionalidad progreso o usar cualquier otro nombre [39]”.

“El progreso es una propiedad de la evolución de la vida como un todo para casi cualquier estándar intuitivo concebible. . . No finjamos negar en nuestra filosofía lo que en el fondo de nuestros corazones sabemos que es cierto [40]”.

En la actualidad se busca redefinir la noción de progreso dentro del marco de una concepción dinámica de la naturaleza. Así, se ha llegado al punto en

que se reconoce un progreso en cuanto que se han producido emergencias de niveles de organización de complejidad creciente. Por otra parte, se puede afirmar que en la historia de la vida no todo es progreso, sino que también han tenido lugar degradaciones, desestructuraciones, regresiones, etc., en el mismo sentido, no todo es transformación y cambio, sino que han tenido lugar largos periodos de estasis y estabilidad.

1.1.6. Información y entropía

En 1948 Claude E. Shannon planteó el problema de cómo establecer la cantidad de energía necesaria para transmitir cualquier tipo de información codificada en una secuencia de unos y ceros. Para ello definió la información como entropía, o como la incertidumbre del observador con respecto al número de mensajes posibles que pueden ser emitidos por una fuente determinada. La información de un mensaje X depende del número de mensajes que podrían haberse recibido, y se necesita para seleccionar ese mensaje de entre todos los posibles. Cada bit de información permite reducir en la mitad la incertidumbre para elegir el mensaje específico de entre el conjunto de mensajes posibles. Por ejemplo, con 3 bits de información encontramos un mensaje particular entre 8 posibles. Por tanto, la cantidad de información para especificar o reconocer un mensaje dado entre un número P de mensajes posibles es tanto mayor cuanto mayor es el número P (véase figura 1.4)

En este caso, la información es independiente del significado o efecto que produce el sistema que procesa la información. Para un tratamiento cuantitativo de un mensaje cualquiera, éste se representa mediante una secuencia de "1"s y "0"s, de tal modo que el número de dígitos binarios requeridos para la codificación corresponde a los bits. De lo anterior se sigue que el número "n" de bits necesarios para codificar un signo dado, en un árbol simétrico de decisión binaria, es el exponente al cual hay que elevar la base 2 para obtener el número de símbolos del código. Al aplicar esta propuesta, hay que tener en cuenta que el problema a resolver determina la naturaleza de la pregunta binaria que se ha de formular. Por otra parte, un valor absoluto de la información es imposible, por cuanto implicaría un conocimiento de todos los elementos constitutivos del sistema en estudio. Un sistema constituido por un número dado de cadenas poliméricas compuestas de monómeros claramente identificados y de longitud conocida, es susceptible de tratamientos probabilísticos, lo cual posibilita el estudio cuantitativo de la información biológica. Sin embargo, la importancia de las secuencias codantes, dada en términos de la funcionalidad de las proteínas, deja claro que cualquier for-

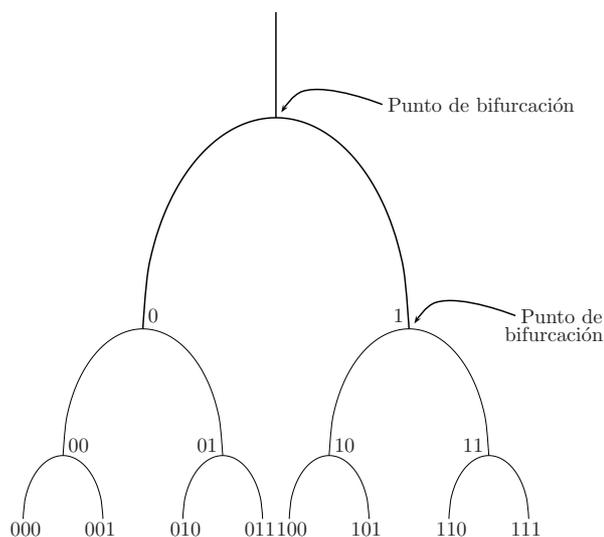


FIGURA 1.4. Árbol de decisiones binarias. La escogencia de cualquiera de los ocho mensajes por parte de un observador externo, requiere de 3 bits de información.

mulación teórica sobre la información en el DNA ha de ocuparse también de su aspecto cualitativo.

Según Shannon, la entropía es una medida de información. Siempre que se representa un sistema por un promedio, necesariamente hay pérdida de información, a menos que se especifique la cantidad de casos individuales que cumplen el promedio y la distribución estadística de los datos. La entropía o información de Shannon es una medida para caracterizar estas distribuciones estadísticas. Consideremos un texto escrito que tiene una extensión de 100 símbolos, donde cada posición puede estar ocupada por uno cualquiera de los 30 símbolos (26 letras, 3 marcas de puntuación y espacio entre palabras). ¿Cuántos textos de 100 símbolos pueden escribirse? $30 \times 30 \times 30 \times 30 \times 30 \times 30 \dots = 30^{100} = 10^{148}$. La probabilidad de encontrar un texto cualquiera es 1 entre 10^{148} . Si el texto se duplicara a 200 símbolos tendríamos: $10^{148} \times 10^{148} = 10^{296}$ combinaciones posibles. En otras palabras, al duplicar la longitud del texto, el número de posibles combinaciones corresponde al cuadrado del número original. Si el texto se hace 10 veces más largo, el número de combinaciones posibles se incrementa en una potencia de diez. Es decir, la entropía como una magnitud extensiva representa una propiedad del tamaño. Por tanto, la entropía no debe estar representada directamente por el número de combinaciones posibles o

microestados, sino por el logaritmo de este número. Esta cantidad en sí misma no posee dimensiones. Sin embargo, en termodinámica la multiplicación por la constante de Boltzmann permite asignar dimensiones de energía a la entropía. Para efectos prácticos, la cantidad correspondiente a la entropía en teoría de información se toma sin dimensiones. En su lugar se utiliza el log en base 2, o los bits, que corresponde al número de decisiones binarias necesarias para identificar una secuencia de símbolos. La cantidad de información obtenida como resultado de la escogencia de una alternativa entre P igualmente probables se expresa en la fórmula: $I = \log_2 P$, cuando $P = 2$, tenemos la unidad de información o bit.

Si las posibilidades no son igualmente probables tenemos:

$$I = \sum_{i=1}^m p_i \log_2 p_i$$

donde p_i es la probabilidad de ocurrencia del evento “ i ” entre M posibles.

Si todos los p_i son idénticos e iguales a $\frac{1}{M} = \frac{1}{P}$, entonces $I = \log_2 P$.

Supongamos un sistema que contiene N moléculas que pueden encontrarse en M estados diferentes (N_1 en estado 1, N_2 en estado 2, ...; N_m en estado m). El peso estadístico P es igual a:

$$P = \frac{N!}{N_1! N_2! \dots N_m!}$$

La entropía del sistema está dada por: $S = k \ln P = k(N \ln N - \sum_{i=1}^m N_i \ln N_i)$

Designando la fracción de moléculas en estado i , $p_i = \frac{N_i}{N}$

$$S = -k \sum_{i=1}^m p_i \ln p_i = -k \ln 2 \sum_{i=1}^m p_i \log_2 p_i$$

De donde $S = k \ln 2I$.

A continuación, examinemos la propuesta de Shannon con el fin de comprender las similitudes y diferencias entre la entropía termodinámica y la informática. Shannon definió la información como una función de la distribución probabilística de los elementos del mensaje. La información de un mensaje dado sólo tiene sentido con respecto al conjunto de mensajes posibles. Hacer depender la información de la probabilidad de los elementos del mensaje tiene sentido desde el punto de vista de un observador externo,

que en este caso es un ingeniero de comunicaciones. La codificación eficiente asigna el código más breve para el elemento más probable (por ejemplo las letras “e” y “a” en castellano), dejando los códigos más largos para los elementos menos probables (las letras x, w, k). Los elementos más improbables ocuparán más espacio en el canal de transmisión porque llevan los códigos más largos. Por tanto, a través de un canal de una determinada capacidad se pueden enviar más elementos probables que improbables, en el mismo lapso de tiempo. Pero el hecho de que se correlacione la información con la improbabilidad quiere decir que los códigos de los elementos improbables son los que llevan más información. Para entender por qué los elementos más improbables tienen mayor información pensemos que <podemos suprimir las letras más frecuentes de un texto sin que se torne ininteligible>. En cambio si suprimieramos las letras menos probables sí se pierde la información.

Aunque la ecuación de Shannon para la información tiene la misma forma que la ecuación de Boltzmann para la entropía, los significados de las probabilidades difieren. En la ecuación de Boltzmann, las probabilidades derivan de una falta de información específica acerca de los microestados del sistema. La ignorancia de los microestados se refleja en la forma estadística de la ecuación. Por el contrario, en la ecuación de Shannon las probabilidades no se derivan de la ignorancia sino de la elección y reflejan el grado de probabilidad de que elijamos un elemento del mensaje en vez de otro, dado un conjunto conocido, por ejemplo, el abecedario.

1.1.7. Información y comunicación

El término información etimológicamente significa “lo que lleva o confiere una forma determinada”. La información puede ser vista como la abstracción de las formas mediante su representación en símbolos. Por medio de la información, las formas se hacen susceptibles de un tratamiento cuantitativo. Igualmente, la palabra información se utiliza como la transmisión de un conocimiento determinado; en este caso, su aspecto cualitativo o el significado, debe ser evidente.

La cantidad de información puede estimarse por el número de decisiones binarias necesarias para identificar sin ambigüedad una secuencia de símbolos. Por ejemplo, si usamos un código binario (0,1) cada una de las letras del alfabeto latino estaría representada por un código de cinco símbolos, puesto que $2^5 = 32$. Sin embargo, en la práctica necesitamos un promedio de 2 preguntas y no 5 para identificar cada letra debido a las siguientes razones:

1. No todos los símbolos o letras de un lenguaje aparecen con la misma probabilidad; su frecuencia es notoriamente diferente.

2. Hay secuencias preferidas de símbolos.
3. No todas las combinaciones de letras o símbolos que se acomodan a la distribución de probabilidad generan palabras con significado, de modo que ciertas combinaciones se descartan automáticamente por no tener sentido.
4. Las palabras tienen una longitud promedio.
5. Las leyes de la gramática y la sintaxis regulan las combinaciones de palabras en las frases.
6. Cada frase debe tener significado.

Si en un lenguaje tenemos en cuenta la frecuencia con que aparece cada letra, la entropía se reduce considerablemente (16 %). De este modo, en lugar de requerir $\log_2 30 = 4,91$ bits, necesitaríamos en promedio 4.12 bits para identificar cada letra sistemáticamente. Para el caso del texto compuesto por 100 símbolos, el número de microestados o combinaciones posibles ha disminuido en un factor de 10^{24} , de 10^{148} a 10^{124} . Ahora, si tenemos en cuenta el segundo factor, o sea el significado de las palabras, la reducción en entropía es del 50 al 70 %, requiriéndose entre 2.5 y 3.5 bits por símbolo [41].

La entropía o la cantidad de información necesaria para identificar un mensaje es máxima cuando cada combinación posible de símbolos tiene *a priori* la misma probabilidad. Si cualquier restricción externa produce una distribución alejada de una distribución equiprobable de los símbolos, el número de preguntas “sí o no”, necesaria para una identificación definitiva se reduce. Entre las condiciones que disminuyen la incertidumbre está la redundancia, puesto que al transmitir un mensaje redundante podemos omitir algunos símbolos. Además, podemos hacer un mensaje deliberadamente redundante para evitar que un exceso de ruido afecte la información.

Desde el punto de vista de la ingeniería de la comunicación, la transmisión de información ocurre desde una fuente hacia un receptor, por medio de un canal. Se trata de que el receptor reciba el mensaje con la mayor fidelidad posible. La fuente “A” genera un conjunto de mensajes escritos en un alfabeto propio de la fuente y con una determinada probabilidad. La fuente de información tiene una capacidad casi ilimitada. El mensaje escrito en el alfabeto de la fuente se codifica en el alfabeto del canal. En todos los momentos de la comunicación hay perturbaciones —o ruido— que alteran aleatoriamente algunas letras al azar y de un modo no reproducible. El conjunto de los mensajes modificados por el ruido se recibe y decodifica en el alfabeto del receptor “B”. El receptor corresponde a la instancia donde la

información se evalúa e incorpora de acuerdo con la experiencia grabada en la memoria (véase figura 1.5).

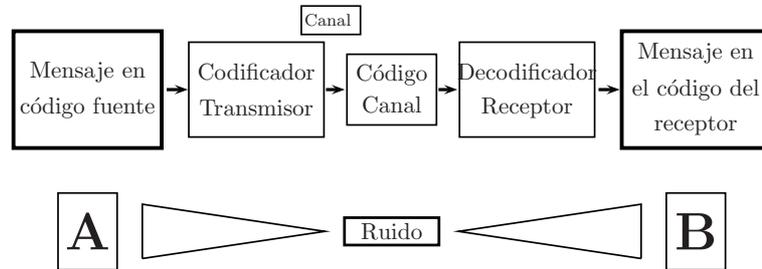


FIGURA 1.5. Transmisión de información desde la fuente al destino tal como se concibe en ingeniería de comunicaciones. Fuente (A), canal, receptor (B). El código del canal se escoge de manera que favorezca al máximo la transmisión fiel del mensaje.

Como hemos visto, la información de Shannon supone un sujeto. A fin de trasplantar esta teoría a la naturaleza viviente fue necesario eliminar al observador humano, paso que en su momento representó un avance afortunado. Sin embargo, con la eliminación del sujeto humano se pretendió eliminar todo tipo de actividad subjetiva en la naturaleza, resultando paradójico que se hable de información sin reconocer ningún agente procesador de la misma.

1.2. Aproximaciones internalistas

1.2.1. Los demonios de Maxwell

De acuerdo con el newtonianismo, las propiedades de los cuerpos sensibles (macroscópicos) se atribuían a las propiedades de las partículas (microscópicas) de materia que no podemos percibir directamente por medio de los sentidos. Por oposición a este punto de vista, James C. Maxwell elaboró una distinción entre las leyes aplicables a los “cuerpos sensibles” y las aplicables “a las partículas que no se pueden observar”. En su ensayo “Science and Free Will” (1873) afirmó que una molécula constitutiva de un cuerpo presenta propiedades muy diferentes a las del cuerpo que pertenece [42]. Maxwell sostuvo que cuando tratamos con cantidades muy pequeñas de materia, sus propiedades son muy diferentes de las observadas en grandes masas. Las fuerzas moleculares actúan de manera diferente a las fuerzas gravitatorias que ejercen su acción sobre grandes masas. En consecuencia, hay una distinción real y profunda entre los cuerpos muy pequeños y los muy grandes,

o entre las propiedades de las moléculas individuales y las propiedades de cuerpos observables, cuestionando de esta manera la aplicabilidad de las leyes de Newton al movimiento de las moléculas.

En consecuencia, Maxwell distinguió entre los métodos aplicables al tratamiento de las distintas clases de entidades observables:

- a Método estadístico. Es el método idóneo para la investigación de entidades colectivas, o cuando el número de moléculas es tan grande que se hace imposible su observación individual. Este método se utiliza cuando hay ignorancia sobre las trayectorias que siguen las partículas individuales. Por ejemplo, en el estudio de los gases, las porciones más pequeñas de materia que podemos someter a experimento abarcan millones de moléculas, ninguna de las cuales es detectable individualmente, razón por la cual el método estadístico debe aplicarse.
- b Método dinámico o histórico. Es el método a emplear en circunstancias en que el movimiento individual de las partículas se puede observar y seguir. En este caso las leyes se expresan por medio de ecuaciones dinámicas, siempre y cuando se tenga un conocimiento perfecto de todos los datos. Este método, que consiste en seguir cada partícula a través de todo su curso, no se puede aplicar a sistemas compuestos de un gran número de componentes.

Maxwell planteó el problema de la distinción entre microfenómenos y macrofenómenos de la siguiente manera. El método dinámico (internalista) daría una certeza que el método estadístico (externalista) no podía proporcionar. A pesar de las regularidades e invariancias que el método estadístico pretende mostrar, estas regularidades deberían distinguirse cuidadosamente de una uniformidad absoluta deducida de los eventos individuales. A pesar de la estabilidad de los promedios obtenidos a partir de un número muy alto de casos cabría esperar eventos individuales que difieren de los esperados por el promedio. Es decir que la regularidad de los promedios no debe hacernos olvidar las diferencias individuales. Esta reflexión señala el cuestionamiento en que caen las estimaciones estadísticas cuando tratan de dar fundamento a decisiones que recaen sobre individuos particulares. Estos individuos podrían corresponder justamente a casos extremos que no por eso deben ser ignorados. En este sentido Maxwell estaría abogando por una flexibilidad en contra de la rigidez determinista propia del newtonianismo.

“En el presente estado del conocimiento, la estadística constituye el único método para el estudio de las propiedades de los cuerpos reales”. “Si

las doctrinas científicas más familiares a nosotros han sido aquellas que deben expresarse estadísticamente, es posible que nosotros debiéramos haber considerado la existencia de ciertas contingencias como verdades evidentes, y tratado la doctrina de la necesidad filosófica como un mero sofisma" [43].

Maxwell sostenía que las leyes estadísticas derivadas de la experimentación no podían alcanzar una precisión absoluta, puesto que cuando pasamos del experimento a las moléculas mismas, dejamos el mundo del azar y del cambio, y entramos en una región en donde todo es cierto e inmutable. En otras palabras, las moléculas individuales son inmutables y no están sujetas al azar. En consecuencia, la idea del demonio surgió como recurso para ilustrar la distinción entre los comportamientos de las moléculas individuales y el de los agregados de moléculas.

Esta idea fue formulada por primera vez en 1867 en una carta dirigida a Peter G. Tait, donde se lee:

"supongamos dos recipientes A y B que contienen moléculas en estado de agitación y divididos por un diafragma, . . . ahora conciba un *ser finito* que por simple inspección conoce los recorridos y las velocidades de las moléculas, pero que no puede hacer trabajo diferente a abrir y cerrar el agujero en el diafragma por medio de una corredera sin masa. Déjelo observar primero las moléculas en A, y que cuando él vea una que viene a una velocidad cuyo cuadrado es menor que el promedio del cuadrado de las velocidades en B, déjelo abrir el agujero y permítale el paso hacia el compartimiento B. Luego, déjelo observar una molécula en B, de modo que cuando el cuadrado de su velocidad sea mayor que el promedio del cuadrado de la velocidad en A, cuando llegue al agujero déjelo pasar a A, dejando cerrada la corredera para las otras moléculas" [42].

Posteriormente (1871), Maxwell presentó la idea de la siguiente manera en la "Teoría del calor":

"Si tenemos un gas confinado en un recipiente cerrado compuesto por dos cámaras separadas por un pequeño orificio y en equilibrio con su entorno, la única manera como se generaría un desequilibrio térmico entre los dos compartimientos sería por la acción de un ser dotado de facultades tan agudas que puede seguir cada molécula en su recorrido, y capaz de hacer lo que hasta el presente es imposible para nosotros.(. . .) Si este ser, que es capaz de ver moléculas individuales, abre y cierra el orificio que separa las dos cámaras, de modo que permite únicamente a las moléculas más rápidas pasar de A a B, y a las más lentas de B a A, lograría aumentar la temperatura de B y disminuir la temperatura de A, sin gasto de trabajo en contradicción con la segunda ley de la termodinámica" [44].

No podía haber gasto de trabajo, porque se empleaba solamente la inteligencia del observador definido como un “ser inteligente y finito con facultades muy aguzadas”. El propósito de esta metáfora era ilustrar que la segunda ley se aplica solamente a sistemas compuestos por un gran número de moléculas, y que por tanto podía eventualmente violarse por moléculas individuales. En otras palabras, la ilustración estaba dirigida exclusivamente a plantear que la segunda ley tenía una certeza estadística que no era aplicable a los microfenómenos, y en ningún momento estaba orientada hacia la especulación sobre el modo de acción del supuesto demonio. El demonio de Maxwell modificaría la distribución esperada de las moléculas de gas con el fin de revertir lo irreversible, para salvar la mecánica clásica.

Posteriormente, la discusión derivó sobre si este demonio podía operar o no, y se reinterpretó como un experimento teórico tendiente a explicar cómo un sistema podría ordenarse espontáneamente, en contra de la tendencia al equilibrio térmico y al aumento de entropía [45]. El demonio habría obtenido un desequilibrio térmico, del cual se podría extraer trabajo a medida que el sistema retorna a su condición de equilibrio. Sin embargo, esta situación no se presenta en un sistema cerrado en estado de equilibrio, porque el hipotético demonio para poder distinguir entre las moléculas necesita efectuar una serie de mediciones que le permitan informarse sobre la localización y velocidad de cada una de ellas. En este proceso, el demonio disiparía una cantidad de entropía mayor que la disminución entrópica obtenida al desequilibrar el sistema, corroborándose que de acuerdo con la segunda ley es imposible obtener orden en un sistema cerrado (véase figura 1.6).

El demonio de Maxwell está lejos de ser una representación del dios newtoniano, en contra de lo que algunos autores han sugerido [46], su carácter finito no se acomoda en nada a esta representación que de hecho está mejor lograda en la metáfora del demonio de Laplace. El carácter finito del demonio de Maxwell y el hecho de tener facultadas tan aguzadas que le permiten discriminar moléculas, lo califican como una ilustración idónea de lo que puede ser un sistema interno de observación. En mi concepto, el problema de Maxwell fue el haber creído que la observación interna elimina por completo el azar, es decir, el no haber considerado que la reducción del azar a nivel local se paga con un aumento en la entropía disipada. Este incremento en la disipación de entropía se traduce en las perturbaciones aleatorias que afectan otras regiones del sistema.

En una carta de Maxwell fechada el 26 de febrero de 1879 en la que se refiere a los casos en los que un sistema material alcanza un punto bifurcación se lee:

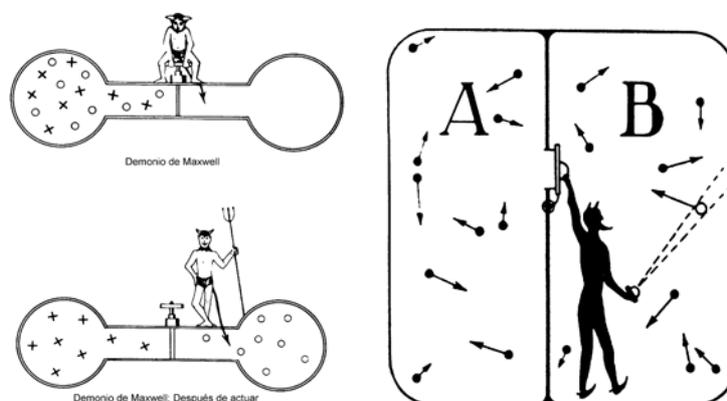


FIGURA 1.6. El Demonio de Maxwell, descrito en 1871 por J. C. Maxwell, parece ser capaz de violar la segunda ley de la termodinámica. El demonio controla el paso de las moléculas de gas entre dos compartimientos a igual temperatura y presión. El demonio observa las moléculas que se aproximan y permite o impide el paso según se trate de moléculas rápidas o lentas, de manera que a las moléculas rápidas les permite ocupar el compartimiento izquierdo, y a las lentas les permite pasar al derecho. A medida que el demonio separa las moléculas el compartimiento izquierdo se calienta y el derecho se enfría. De acuerdo a la segunda ley, una diferencia de temperaturas se puede obtener por acción de un trabajo, sin embargo en este caso se considera despreciable el trabajo de controlar el paso de las moléculas.

“Cuando aparece una bifurcación en el camino, el sistema, *ipso facto*, invoca algún principio determinante que es extra-físico (pero no extra-natural) para determinar cual de los dos caminos debe seguir . . . Cuando esta en el camino envolvente, puede en cualquier instante, de su propia gana, sin ejercer ninguna fuerza o gastar energía, salirse del camino particular que coincide con la condición actual del sistema en ese instante” [47].

Posteriormente veremos que esta interpretación de la acción extra-física del demonio prefigura con casi cien años de anticipación las descripciones de Prigogine para los puntos de bifurcación en sistemas lejanos del equilibrio. Igualmente veremos que la naturaleza extra-física pero no extra-natural de este principio radica en el carácter cognitivo o semiótico asociado a los sistemas autoorganizantes lejos del equilibrio termodinámico.

La oposición de Maxwell al evolucionismo le impidió vislumbrar que la selección podría ser el mecanismo más efectivo para regular las dos tenden-

cias aparentemente opuestas en que se mueve el universo. Pero en este caso no se trataría de la selección natural ejercida como una fuerza externa sino de las elecciones ejecutadas desde adentro por los sistemas termodinámicos (considerados como demonios de Maxwell) al consultar las condiciones de su entorno.

1.3. El desequilibrio como referencial para el estudio de los sistemas físicos y biológicos

1.3.1. La aproximación de Ilya Prigogine

Prigogine desarrolló uno de los tratamientos más profundos y originales dados a la entropía. A partir de la descripción de procesos estrictamente físicos donde se crean patrones sorprendentes como los copos de nieve, o las reacciones químicas que exhiben un comportamiento oscilante entre diferentes estados, concluye que lejos del equilibrio los entes materiales en ciertas circunstancias se organizan por sí mismos.

Prigogine sostiene que la vida no escapa a la segunda ley puesto que en los procesos de organización la entropía total siempre aumenta. El término general entropía se divide en dos partes; la primera refleja los intercambios entre el sistema y el mundo exterior ΔS_e , y la segunda describe la entropía que se produce al interior mismo del sistema ΔS_i . La segunda ley exige que la suma de estas dos sea positiva, excepto en estado de equilibrio cuando es cero, $\Delta S_e + \Delta S_i > 0$. Lejos del equilibrio la primera entropía alcanza valores positivos muy altos, $\Delta S_e \gg \Delta S_i$, por lo que, aunque la segunda sea negativa, la suma de las dos sigue siendo positiva. Esto quiere decir que en sistemas lejos del equilibrio pueden presentarse disminuciones locales de entropía que se manifiestan en un aumento impresionante de la organización interna.

Los organismos son sistemas abiertos al intercambio de energía y materia con su entorno; por tanto, no pueden concebirse separados de su medio ambiente. Cualquier sistema abierto está sujeto a los flujos de materia y de energía que generan un desequilibrio, dando lugar a una amplificación de las fluctuaciones internas. En esta situación, las acciones ejercidas sobre el sistema no generan una reacción en sentido contrario que tienda a restablecer la configuración anterior, sino que una vez sobrepasado un umbral de estabilidad, pueden destruir la estructura inicial y generar configuraciones o cambios estructurales impredecibles. A medida que las fuerzas externas se hacen mayores, el alejamiento del equilibrio se incrementa y la linealidad en el comportamiento del sistema se va perdiendo.

A mayor lejanía del equilibrio, se presentarán más perturbaciones a nivel microscópico, algunas de las cuales poseen un potencial de amplificación insospechado. Se trata del proceso de autoorganización que da lugar a “estructuras disipativas”, llamadas así porque generan orden a costa de disipar entropía al entorno. Un ejemplo químico de estructura disipativa está dado por la reacción de Belousov-Zhabotinski, la oxidación del ácido malónico con bromato de potasio en una solución de ácido sulfúrico y en presencia de iones cerio. Esta reacción genera patrones espacio-temporales, que se ven como la generación de ondas espirales.

Prigogine demostró que cuando las concentraciones iniciales de los reactivos son grandes, la solución se torna inestable y aparecen fluctuaciones locales en la concentración de los reactivos. Pasado cierto umbral crítico, estas fluctuaciones microscópicas se correlacionan con otras fluctuaciones espacialmente alejadas de ellas, y se convierten en los puntos desde donde surgen los anillos y las espirales macroscópicas de la reacción.

Esta reacción puede representarse como un hiper ciclo formado por los productos intermedios X , Y , Z (véase figura 1.7). Para mantener el sentido de rotación en la dirección del reloj, debe permanecer lejos del equilibrio. El proceso se renueva a sí mismo continuamente actuando como un catalizador que transforma los productos iniciales en los finales.

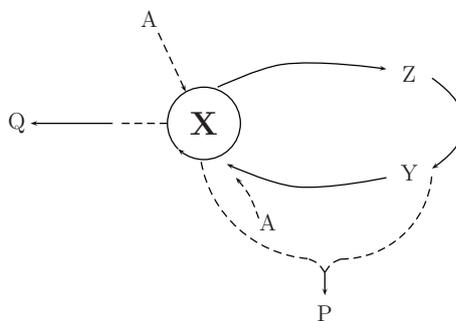


FIGURA 1.7. Organización cíclica de la reacción de Belousov-Zhabotinsky con un paso autocatalítico marcado dentro de un círculo. Reactivos iniciales $A = [BrO_3^-]$; productos intermedios $X = [BrO_2^-]$, $Y = [Br^-]$; $Z = [2 Ce^{+4}]$; productos finales P , Q . El producto intermedio X se reproduce autocatalíticamente y mantiene el ciclo en movimiento, se degrada en Q estabilizando el sistema.

En estas estructuras disipativas, las oscilaciones de las moléculas no se anulan entre sí. Por el contrario, una pequeña oscilación puede amplificarse y a la larga constituirse en el núcleo generador de la nueva estructura, de manera

que una fluctuación, por pequeña que sea, puede afectar significativamente los valores promedios. En este caso se invalidan las leyes estadísticas que establecen que una descripción adecuada de un sistema se puede explicar en términos de los valores promedios de los constituyentes microscópicos. En otras palabras, lejos del equilibrio solamente está disponible una fracción de los microestados posibles para un macroestado dado. Un sistema lejos del equilibrio se concibe como una compresión en el espacio de probabilidad. Los procesos irreversibles hacia el equilibrio son expansiones de este espacio, a partir de macroestados con pocos microestados hacia macroestados que presentan muchos microestados.

Una estructura disipativa presenta un margen de autonomía con respecto a perturbaciones tanto externas como internas. Cuando los umbrales de estabilidad se sobrepasan, el sistema sufre una transición discontinua (brusca) hacia un nuevo régimen que pertenece al conjunto limitado de transformaciones cinéticas accesibles, tal como se muestra en el árbol de bifurcaciones (véase figura 1.8).

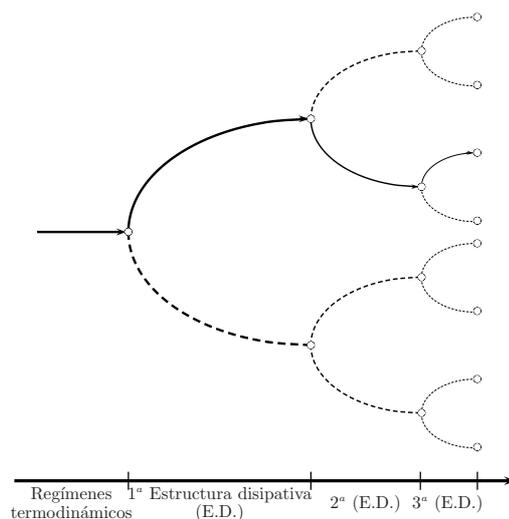


FIGURA 1.8. Árbol de bifurcaciones que ilustra las transiciones entre regímenes termodinámicos como función de los gradientes aplicados, o árbol de decisiones evolutivas con ramificaciones en cada umbral de inestabilidad. Indeterminación macroscópica en la evolución de una estructura disipativa (E. D.). En cada umbral de inestabilidad, las E. D. tienen posibilidad de escoger entre al menos dos alternativas.

En este aspecto, el comportamiento de los sistemas lejos del equilibrio presenta características equiparables a las descritas para el proceso de la evo-

lución, como son la especiación rápida seguida de períodos de estasis. La estasis puede prolongarse por millones de años, lapso durante el cual las fluctuaciones mutacionales tienen lugar sin que se produzcan cambios morfológicos. Además, la mayoría de los cambios representados por las mutaciones puntuales son de tipo neutro y, debido a la constancia con que ocurren, se utilizan como reloj molecular para datar los tiempos de bifurcación a partir de ancestros comunes. Sin embargo, la especiación es un proceso cuya dinámica no se explica por la mutación puntual. Por tanto, desde la óptica del desequilibrio, la discontinuidad en el registro fósil debe ser considerada como real.

En los puntos de bifurcación, las leyes macroscópicas que gobiernan el sistema son incapaces de determinar su comportamiento, y el camino evolutivo que toma está determinado principalmente por las fluctuaciones internas. Del caos se genera un orden. Puesto que los sistemas abiertos termodinámicamente pueden intercambiar materia y energía con su entorno, los flujos de energía no degradada (baja entropía) desde afuera pueden imponer orden o informar a un sistema desordenado con un concomitante decrecimiento local de la entropía. Por consiguiente, sólo en situaciones lejanas del equilibrio es posible pensar en una dinámica de cambio estructural, propia de un proceso evolutivo. Las nuevas estructuras aparecen como consecuencia de una inestabilidad; no hay posibilidad de una estabilización permanente.

Lejos del equilibrio hay generación de variabilidad interna —materia prima del proceso evolutivo— por contraposición a los procesos de estabilización de la estructura externa que ocurren a medida que se acercan a un punto de equilibrio. Como veremos más adelante, la mutación adaptativa puede equipararse con una propuesta creativa e innovadora que ocurre lejos del equilibrio y le permite al sistema alcanzar un estado estable en un entorno determinado, por cuanto su ventaja se traduce en mayor eficiencia en mantener y utilizar los flujos de energía y materia. Por el contrario, las mutaciones neutras constituyen el espectro de variantes microscópicas que corresponden a un mismo macrosistema, cuyo potencial innovador se manifiesta en la lejanía del equilibrio como capacidad o versatilidad adaptativa.

De acuerdo con la visión mecanicista, las estructuras se conciben a partir de las combinaciones de sus elementos básicos constitutivos. Este método reforzó una visión estática que consideraba únicamente la dimensión espacial de la estructura. Por el contrario, desde el punto de vista de la termodinámica de estados lejos del equilibrio, se genera orden a partir del caos microscópico, y las propiedades macroscópicas no resultan de estructuras estáticas sino de interacciones dinámicas dentro del sistema, y entre el sistema y su entorno. En este caso, la nueva estructura se despliega en una

dimensión espacio-temporal, manifestando propiedades emergentes que no son equivalentes a las que presentan sus unidades constitutivas. Estas estructuras son autoorganizantes, por cuanto ellas mismas generan el patrón, o el punto de nucleación, en torno al cual se establece una nueva dinámica o estado metaestable. Mientras que en el equilibrio hay mecanismos que operan azarosamente y que actúan de manera muy lenta sobre el sistema, en la lejanía del equilibrio las perturbaciones aleatorias pueden generar procesos de alta intensidad que conducen a la autoorganización.

La vida surgió como consecuencia de los procesos disipativos ricos en producción de entropía y obedeció a una serie de inestabilidades o bifurcaciones que condujeron a un estado de materia altamente organizada. En otras palabras, la segunda ley creó la vida, porque sólo un mundo rico en procesos disipativos puede sustentar la autoorganización. La emergencia y la evolución de la vida no obedecieron a ningún accidente, sino que fueron una consecuencia de la dinámica fundamental del universo.

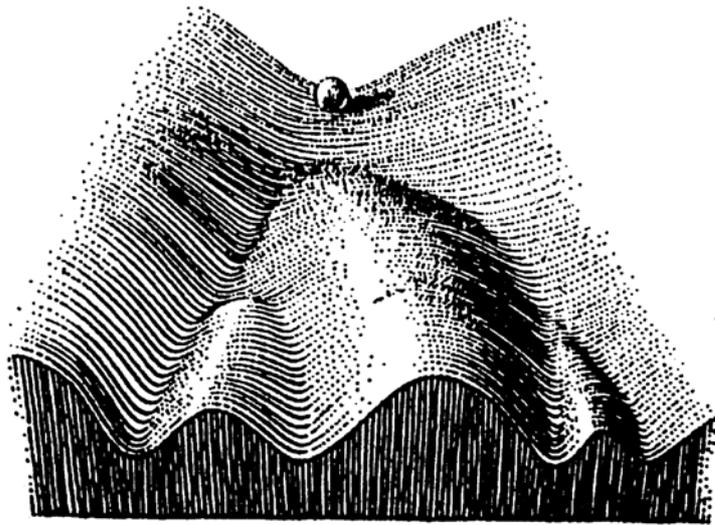


FIGURA 1.9. Creodos y paisaje epigenético. El paisaje ilustra el concepto de creodos como vías canalizadas de expresión y desarrollo. Las cimas corresponden a la información potencial. Los creodos corresponden a los valles que llevan a determinados estados finales de desarrollo, a consecuencia de la expresión de la información.

A mayor lejanía del equilibrio se dan más alternativas o posibilidades a elegir. Como en un árbol que se ramifica, existen nodos de bifurcación donde

el comportamiento es impredecible; sin embargo, una vez que se define la rama por la cual el sistema se va a desarrollar, el comportamiento del sistema se hace predecible. El registro de las sucesivas bifurcaciones corresponde a la historia del sistema, que tiene lugar de un modo irreversible, al no existir estados iniciales hacia los cuales el sistema tienda a regresar. Las entidades se definen históricamente en términos de la secuencia de interacciones a lo largo de una serie de cambios irreversibles, haciendo que el tiempo y la historia se conviertan en categorías fundamentales para entender los procesos físicos. Históricamente, en el momento de bifurcación las alternativas se presentan para ser seleccionadas; la aleatoriedad de esta instancia desempeña un papel decisivo. En ese momento crítico, el elemento azaroso ejerce su influencia a largo plazo cuando logra ser captado por algún criterio de racionalidad. Darwin proporciona este criterio al introducir la idea de selección, dejando de lado el problema del origen de la variación aleatoria, el cual considera independiente del proceso de selección.

A la luz de lo anterior, los sistemas biológicos están caracterizados por interacciones no lineales de sus subsistemas bioquímicos constitutivos. Los sistemas de esta naturaleza tienen múltiples estados estables. La estabilidad tiende a mantener un camino o vía de desarrollo (creodo) hacia objetivos determinados. Según la metáfora del paisaje epigenético⁷, las influencias del medio ambiente podrían sacar al sistema fuera de su trayectoria, pero la canalización por un “camino obligado” (creodo), hace que el sistema regrese a su vía normal,[19] (véase figura 1.9).

Sin embargo, si la perturbación sobrepasa cierto umbral, el sistema puede presentar un cambio brusco, saltando hacia una nueva vía de desarrollo que le permitirá alcanzar otro estado de estabilización. La modificación del programa ontogenético da lugar a nuevas formas que eventualmente pueden estabilizarse. Los sistemas biológicos, como resultado de su dinámica interna,

⁷El paisaje epigenético es una imagen que ha estimulado el desarrollo de la teoría de catástrofes basadas en topología diferencial. A medida que el embrión atraviesa la topología del paisaje epigenético, a lo largo del tiempo, activa relaciones funcionales que describen tanto al organismo como al ambiente y que se manifiestan en los procesos físicos y químicos que dan forma al embrión. De este modo, el desarrollo es un proceso canalizado en cadenas de procesamiento específicas denominadas “creodos”. En esta imagen el desarrollo de un huevo se representa mediante el descenso de una bola. La bola puede seguir una serie de desvíos hacia vías alternativas, que corresponden a las vías de desarrollo de los distintos órganos. Dado que el desarrollo está canalizado hacia puntos finales definidos, las alteraciones del desarrollo normal pueden desviar la bola del valle hacia las paredes laterales, pero a menos que sobrepase la pared entrando a otro valle, encuentra su camino de regreso al valle original. De esta manera se ilustra la regulación del desarrollo embrionario.

son al mismo tiempo estables y capaces de evolucionar.

El desequilibrio es “más real” que el equilibrio. El desequilibrio está caracterizado por las contingencias que se presentan en las interacciones entre los componentes microscópicos, fenómenos que podrían ser captados por observadores internos de su misma escala, mientras que el equilibrio es afín a la descripción propia de un observador externo que se conforma con la constancia o la predefinición de los rangos de variación de los parámetros macroscópicos.

La escogencia de estos dos referenciales ha dependido en gran medida de la manera como la humanidad construye su visión de la sociedad. El hombre como observador interno genera una visión de la sociedad en la cual se desempeña, pero cuando pierde su condición de agente autónomo enajena su visión para pasar a concebir a los otros individuos como un dato estadístico más. En ese momento, la interpretación surgida como observador social participante se transmuta en una interpretación de la sociedad como observador externo objetivo, y por consiguiente, con esa misma óptica pasa a ver la naturaleza y el mundo circundante. El objetivismo y el externalismo ahogan la dinámica y libertad que se atribuye a los individuos.

La idea de una naturaleza en armonía con su entorno, donde cada ser tiene un lugar determinado, predomina en la cosmovisión de las sociedades llamadas peyorativamente “primitivas”, y en la Europa precapitalista. Del mismo modo, la idea de una naturaleza en proceso de expansión y desarrollo progresivo, con fuertes tensiones que se van limando a medida que se aproxima hacia un estado de equilibrio, pasó a convertirse en la cosmovisión dominante durante la expansión capitalista.

Durante el siglo XX, y sobre todo en consonancia con la crisis actual, se ha ido imponiendo la idea de una naturaleza en desequilibrio con el entorno, con desarreglos en tensión creciente, donde cualquier transformación que pueda ocurrir parece completamente impredecible. El paradigma clásico ha privilegiado la observación objetiva externalista, de la cual se derivan los énfasis en el equilibrio, en el determinismo, en los procesos graduales de cambio, en los ajustes a corto plazo, en los cambios cuantitativos, en los mejoramientos adaptativos y en la estabilidad estructural. Sin embargo, se vislumbra una tendencia fuerte en la ciencia a darle reconocimiento a la perspectiva internalista, que permitirá entender el desequilibrio, las variaciones azarosas, los procesos irreversibles, las tendencias a largo plazo, los cambios cualitativos, los cambios no adaptativos y los procesos de cambio estructural. Este cambio de referenciales requiere de una inclusión del sujeto dentro del sistema de descripción. Esta reivindicación del sujeto constructor de conocimiento y agente de transformaciones constituye una de las carac-

terísticas más sobresalientes de la pos-modernidad. Por supuesto que aquí se trata del sujeto entendido como un sistema físico observante y creador de registros.

1.4. Evolución como entropía: la contribución de Wiley y Brooks

A partir de la descripción de algunos procesos cosmológicos que tuvieron lugar lejos del equilibrio, como la síntesis incompleta de núcleos durante el lapso comprendido entre los 1 y 1000 segundos después de la gran explosión, y la expansión inflacionaria durante el primer segundo, se ha demostrado que la entropía aumenta. Sin embargo, la tasa de incremento de entropía real es mucho menor que el incremento de la entropía máxima alcanzable en el estado de equilibrio. Los espacios de posibilidades que pueden ser ocupados crecen mucho más rápidamente que los lugares ocupados por las estructuras existentes. Los ejemplos termodinámicos clásicos tienen que ver con la expansión de gases en cámaras de volumen constante. Siguiendo con este símil, imaginémonos ahora que tenemos una cámara hipotética que se expande a una velocidad mucho mayor que la expansión del gas contenido en ella. En este caso, la película que veríamos sería la de un gas que está cada vez más lejos de llenar uniformemente el espacio; la brecha creciente entre la entropía alcanzable en el equilibrio $S_{m\acute{a}x}$ y la entropía observada S_{obs} favorece la creación de fuentes de energía libre.

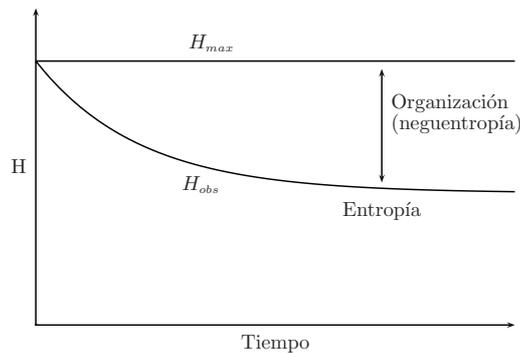


FIGURA 1.10. Variación con respecto al tiempo de la entropía observada H_{obs} por un observador externo que tiene como referente un máximo constante de entropía H_{max} . La diferencia es una medida de la organización y se ha interpretado como neguentropía. [49].

Estos autores proponen, siguiendo a Brillouin, denominar como “orden” la brecha creciente entre $S_{\text{máx}} - S_{\text{obs}}$. La entropía máxima corresponde a la incertidumbre en la fuente, y la observada a la incertidumbre remanente en el receptor una vez que se ha recibido el mensaje. La diferencia entre estos dos es una propiedad objetiva de la fuente y corresponde a su contenido de información u organización interna. Esta diferencia también se interpreta cómo una medida de cuánto estamos alejados de la aleatoriedad (distribución uniforme) en el contexto de un universo en expansión. Si cada vez se constata un retraso mayor con respecto a los máximos posibles de entropía, ¿no es esto un indicativo de que en vez de estar habitando un mundo que se acerca al equilibrio, estamos, por el contrario, cada vez más lejos de alcanzarlo? Desde el momento en que el espacio de lo posible se hizo más grande que el existente, la dimensión temporal entró en juego debido a la tendencia espontánea, en conformidad con la segunda ley, a llenar este espacio. Mientras que la exploración del espacio fase o microestados accesibles es consecuencia de la tendencia entrópica a alcanzar el equilibrio; la diferencia entre lo posible y lo existente es un indicativo de un alejamiento del equilibrio cada vez mayor. De esta forma, a medida que el universo tiende al equilibrio, éste se desequilibra en proporción mucho mayor, como resultado de la ampliación del espacio fase teórico y de la aparición de nuevos niveles de organización. En este punto considero tentador postular que la ampliación del espacio de fase teórico es consecuencia de las interacciones entre subunidades constitutivas (los procesos de medición interna) que al generar nuevas estructuras conducen a la realización de nuevos microestados.

Pero, ¿existe realmente un paralelismo entre la evolución de la vida en la tierra y la evolución del universo en expansión? La vida depende de una fuente de energía estable y continua, razón por la cual nunca llega al equilibrio y continua evolucionando lejos de él. Igualmente, el universo evoluciona lejos del equilibrio, debido a las transferencias de energía libre provenientes de la expansión constante. Por tanto, es plausible que la gráfica (véase figuras 1.10 y 1.11) que representa la dependencia de la entropía máxima $S_{\text{máx}}$ y la real S_{obs} en un universo en expansión logre captar algunos aspectos aplicables a la evolución de sistemas abiertos como la vida [48].

Corroborando este punto de vista, Layzer sostiene que el incremento de entropía no implica la decadencia del orden, puesto que el orden sería la diferencia entre la entropía potencial $S_{\text{máx}}$, y la actual S_{obs} . Para el caso de sistemas termodinámicos cerrados la entropía potencial o máxima alcanzable ($S_{\text{máx}}$) es constante, pero en el contexto de la cosmología y la biología, ésta crece con el tiempo.

Entre mayor sea la brecha entre la entropía máxima alcanzable y la

observada mayor es el orden (Q) que presenta el sistema, o mayor es su alejamiento de la aleatoriedad, de acuerdo con: $Q = 1 - \frac{S_{\text{obs}}}{S_{\text{máx}}}$ [50].

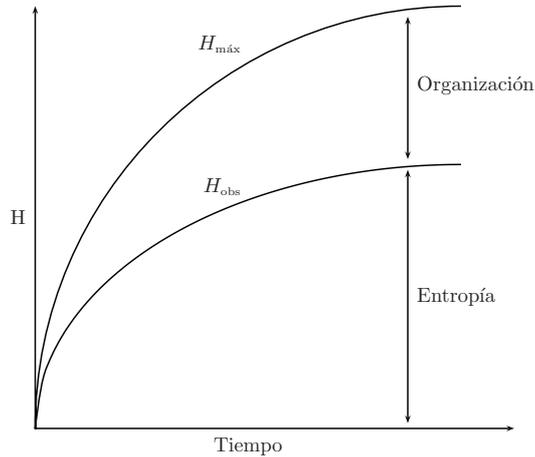


FIGURA 1.11. Variación con respecto al tiempo de la entropía máxima $H_{\text{máx}}$ y la entropía observada H_{obs} , por un observador interno para quien la entropía máxima aumenta constantemente. La diferencia es una medida de la organización. [49].

La entropía es una medida de la dispersión de una distribución de frecuencias discretas. En el caso de un gas, se refiere a la distribución en celdas de igual tamaño en el espacio, pero en el contexto evolutivo se refiere a la distribución en un espacio de posibilidades, en donde todos los microestados posibles están representados; por ejemplo, en un hipercubo n -dimensional de secuencias génicas, genotipos, etc. En ambos casos la expansión obedece a fenómenos aleatorios, como el movimiento de las partículas del gas o la mutación genética. Lo importante es demostrar que los procesos de este tipo pueden generar un incremento en la entropía máxima alcanzable. En las primeras etapas de la expansión del universo, el equilibrio termodinámico prevalece, pero a medida que hay expansión, la tasa de equilibración disminuye con respecto a la tasa de expansión, estableciendo condiciones de no equilibrio. En este caso, la expansión cósmica produce una diferencia de temperaturas entre dos componentes homogéneos del medio cósmico. Esta diferencia de temperatura podría en principio utilizarse para hacer funcionar una máquina térmica, debido a que constituye una fuente potencial de energía libre. Por otra parte, el orden estructural asociado a este proceso se manifiesta en el hecho de que la masa del universo no se distribuye unifor-

mamente en el espacio, sino que se concentra en una jerarquía de sistemas gravitatorios.

En el caso de la evolución biológica se da un proceso de construcción jerárquico que presenta dos aspectos complementarios: diferenciación (especialización y diversificación de partes) e integración (la formación de nuevos agregados en los que la estructura y función de las partes están subordinadas y reguladas por la estructura y función del agregado) [51].

Para comprender el giro que Brooks introduce en el concepto de entropía cito textualmente:

“Es importante comprender que el espacio fase, microestados y macroestados descritos en nuestra teoría no corresponden a los constructos termodinámicos clásicos. Las entropías son arreglos, configuraciones, disposiciones, ordenamientos, etc., más parecidas a las entropías de agrupamientos encontradas cuando se considera un gas ideal, que a las entropías térmicas asociadas a máquinas de vapor” [49].

Se trata por tanto de una interpretación más general de la segunda ley. En otras palabras, se habla de entropías concebidas como arreglos o configuraciones estructurales; entre más diversidad estructural posean los organismos, mayor será su entropía o complejidad.

Uno de las conclusiones deducibles de este análisis es que aunque el proceso evolutivo parece representar una reducción en entropía, esta reducción es relativa al sistema de referencia. En realidad, la evolución incrementa la entropía, tal como lo exige la segunda ley; pero la evolución no incrementa la entropía a la tasa más rápida posible, debido a que la disipación tiene lugar en el mundo real donde actúan restricciones. Por consiguiente, con respecto a la tasa más alta posible, $S_{\text{máx}}$, la entropía observada, S_{obs} , parece decrecer.

En este sentido, la evolución es un proceso entrópico en aparente contradicción con el sentido común. La evolución se caracteriza por un aumento en complejidad, organización y orden que da la ilusión de un comportamiento neguentrópico. Esta paradoja se resuelve si se concibe la evolución como un proceso lejano del equilibrio, caracterizado por un espacio fase en incremento y por una tendencia a la producción de variación que va retrasada con respecto al máximo de entropía. En otras palabras, la diversidad existente es mucho menor que la diversidad posible.

Consideremos los dos modos de ver la evolución representados en las figuras 1.10 y 1.11. En ambas gráficas el eje vertical es la medida de la entropía del sistema o el espectro total de diversidad biológica, y el eje horizontal representa el tiempo [49]. En la figura 1.10, el observador se ubica en la línea marcada $H_{\text{máx}}$ correspondiente a una entropía máxima y observa

el espectro total de la diversidad. Si toda la diversidad genética se expresara por igual, no existirían genotipos más probables que otros. En este caso, la suma de lo que el observador ve se expresa como un punto en cualquier momento a lo largo de la línea $H_{\text{máx}}$. No obstante, el observador ve que la diversidad genética existente es menor que la diversidad máxima posible representada en la curva inferior H_{obs} . A medida que el tiempo transcurre, la diversidad existente se aleja de la posición del observador. En este caso, se concluye que la evolución es un proceso neguentrópico, puesto que a mayor organización hay un alejamiento mayor de la aleatoriedad.

En el segundo caso (véase figura 1.11), el observador también está colocado en la línea que representa el máximo de entropía. El observador ve que, a medida que transcurre el tiempo, la diversidad genética observada se va retrasando con respecto a la entropía máxima siempre en aumento. En este caso, el observador también se mueve, puesto que el máximo de entropía y el espacio fase aumentan con el tiempo. Cuando el máximo de entropía se incrementa a una velocidad mayor que la diversidad existente observada, el observador concluye que la evolución se comporta entrópicamente, dando lugar a una complejidad y organización crecientes.

Los fenómenos representados en las figuras 1.10 y 1.11 son idénticos. En ambos casos el observador ve que la diversidad existente va disminuyendo con respecto al máximo entrópico, aunque las descripciones que se generan en uno u otro caso son incompatibles. La descripción correspondiente a la figura 1.10 no es realista, debido a que aceptar una entropía máxima constante implica sostener que toda la diversidad existente proviene de una fluctuación o variación inicial. Por el contrario, la descripción correspondiente a la figura 1.11 es realista, al postular que a lo largo del tiempo ha habido un incremento total en diversidad. En este modelo, el orden de un sistema aumenta con el número de microestados accesibles, siempre y cuando la entropía real existente u observada aumente a una tasa menor que el máximo posible de entropía [49]. En este caso, toda la diversidad no proviene de la fluctuación original, sino sobre todo de las perturbaciones azarosas que se han ido generando a lo largo de los procesos de estructuración y organización. En mi opinión, el caso de la figura 1.10 corresponde a la imagen idealizada generada por un observador externo, mientras que la de la figura 1.11 es realista y equiparable a la producida por un observador interno.

La localización del observador es crucial y conduce en este caso a interpretaciones antagónicas. Mientras que para la ciencia clásica externalista el aumento de entropía es equiparable a una aproximación a la “muerte térmica”, el enfoque internalista permite reconciliar los términos evolución y entropía. Igualmente, la interpretación de la vida como opuesta a la en-

tropía, debe ser reemplazada por una noción dinámica que ve los incrementos reales de entropía propios de la estructuración biológica como parte de un proceso vital que no es negación de la segunda ley sino expresión de su más estricto cumplimiento.

1.5. Especiación y cambios de entropía

Brooks y Wiley proponen que los organismos son sistemas abiertos en términos de energía, pero “cerrados” en términos de información estructural. Sus propias restricciones internas confieren a los organismos el carácter de estructura cerrada. La termodinámica de sistemas lejos del equilibrio se aplica con toda propiedad a este tipo de sistemas abiertos que poseen restricciones internas; por ejemplo, los individuos son sistemas cerrados a la información, y están intrínsecamente limitados por el plan ontogenético especificado en los genes y en la organización citoplasmática, de modo que los organismos no necesitan recibir instrucciones genéticas del exterior.

En tanto cuanto los organismos son sistemas lejos del equilibrio, necesitan una fuente permanente de energía para ejecutar trabajo de un modo irreversible. La evolución obedece el principio de mínima disipación desarrollado por Onsager⁸. De acuerdo con este modelo, un sistema sujeto a un gradiente constante de energía libre tenderá a evolucionar, a través de estados de disipación decreciente, hacia estados estacionarios de mínima producción de entropía [52].

Para poder aplicar la termodinámica del desequilibrio a la especiación, hay que considerar las especies como sistemas estructuralmente cerrados, es decir como sistemas altamente cohesionados que comparten lazos reproductivos exclusivamente entre los miembros de la misma. Si todas las especies estuvieran abiertas al tráfico de información genética, no existiría sino una sola. Las poblaciones que se reproducen sexualmente están cohesionadas, permitiendo un flujo génico, y se conciben como sistemas que comparten información. Por el contrario, las poblaciones aisladas corresponden a los casos en que no hay flujo génico. De la misma manera, las especies reproductivamente aisladas y los clones asexuales están cerrados al intercambio de información y no están cohesionados con otros miembros ubicados en regiones distantes.

Los sistemas parcialmente cerrados a la información pero energéticamen-

⁸Según este principio, la tasa de producción de entropía en un estado estacionario lejos del equilibrio tiende a un valor mínimo en consonancia con las restricciones externas impuestas al sistema.

te abiertos utilizan el flujo de energía para mantenerse en un estado dinámico lejos del equilibrio. En una perspectiva histórica cada transformación es única para el individuo en que tiene lugar y afecta sólo parte del sistema al cual pertenece el individuo. Las observaciones empíricas sugieren que las especies están relacionadas y que cada clado se caracteriza por la presencia de algunos caracteres que indican su exclusividad histórica (apomorfias⁹), mientras que al mismo tiempo presentan otros caracteres que indican sus raíces (plesiomorfias¹⁰). Puesto que los sistemas están abiertos a fuentes de energía prácticamente ilimitadas, las consideraciones energéticas no explican el incremento de diversidad y complejidad a lo largo del tiempo evolutivo. Por el contrario, la termodinámica explicaría la capacidad de utilizar la información, es decir de ejecutar un programa ontogenético y de mantener un flujo energético a través de las interacciones entre los organismos.

En este contexto Wiley y Brooks distinguen entre *información potencial* y *expresada*. La primera corresponde a información presente, pero que no se expresa durante la vida del organismo (un alelo recesivo en un individuo heterocigoto, una vía alternativa de desarrollo que podría expresarse si llegara a presentarse la señal apropiada), mientras que la segunda corresponde a la que se expresa una o más veces durante la vida del individuo. Esta última se divide en *información canalizada* y *no canalizada*. La información canalizada es la responsable de la secuencia de eventos ontogenéticos que atraviesa el organismo durante el desarrollo (incluye por tanto genes reguladores, organización citoplasmática, interacciones celulares, etc.). La información no canalizada corresponde a la que se utiliza para la fabricación de productos estructurales (proteínas, enzimas, etc.) que participan en la transformación ontogenética del individuo. La especiación correspondería a la conversión de la información potencial contenida en el ancestro en la información canalizada de su descendencia.

La distinción entre información canalizada y no canalizada es fundamental para poder integrar la biología del desarrollo con la teoría evolutiva. La canalización de eventos que ocurren durante la evolución puede explorarse por medio de la biología del desarrollo y la sistemática filogenética. Los árboles filogenéticos identifican los taxos y caracteres que necesitan explicación.

⁹Las apomorfias son una clase de características que se usan para definir qué tipo de similitud se da entre dos organismos. Las características apomórficas son derivadas o de aparición “reciente”, puesto que no están presentes en el ancestro común de los taxos que se están estudiando.

¹⁰Las plesiomorfias son una clase de características que se usan para definir qué tipo de similitud se da entre dos organismos. Las características plesiomórficas son las ancestrales, o aquellas que están presentes en el ancestro común de los taxos que se estudian.

El patrón de las apomorfias corresponde a los patrones de canalización de eventos. Los patrones de las plesiomorfias corresponden a las partes de los programas ontogenéticos que permanecen constantes a pesar de la especiación y la variación entrópica.

Prigogine desarrolló la siguiente ecuación para dar cuenta de la producción de entropía por parte de los sistemas disipativos: $dS = dS_e + d_iS$, donde dS representa el cambio de entropía, dS_e el flujo de entropía en el sistema y d_iS los flujos de entropía correspondientes a los procesos irreversibles dentro del sistema. La segunda ley se cumple siempre y cuando $dS_e + d_iS > 0$.

De modo similar Wiley y Brooks proponen la siguiente ecuación:

$$E = \frac{dS_i + dS_c + dS_e}{dt} \quad (1.1)$$

donde E corresponde a evolución; dS_i , a cambios de entropía propios de los niveles de información; dS_c , a cambios en entropía debidos a los niveles de cohesión, al aumentar la entropía de cohesión se pierde la cohesión interna generándose una disociación, dS_e a cambios de entropía debidos a la disipación externa de energía, y dt a los cambios en el tiempo. Entonces: $dS_i + dS_c = d_iS$

La diferencia entre Brooks y Prigogine en este punto radica en que mientras el primero está preocupado por la diversidad, el segundo está centrado en el origen de la organización; por eso se descomponen los cambios de entropía interna especificando la fracción que contribuye a los cambios en cohesión. Claramente se ve la equivalencia de las dos formulaciones cuando $dS_c = 0$, puesto que antes del origen de los organismos (vida) no podemos hablar de su cohesión a nivel poblacional. Es importante tener en cuenta dS_e , puesto que la modificación de las estructuras ancestrales sin pérdida de la cohesión corresponde a la anagénesis¹¹, mientras que la especiación esta asociada a la producción de descendencia con pérdida de la cohesión. Existe en todo momento una tendencia entrópica hacia el incremento de variación y por tanto hacia la ruptura de la cohesión reproductiva. Así, a medida que se incrementan los valores de dS_e , disminuye la cohesión interna de la especie, aproximándose al umbral donde al perderse la cohesión se presenta la especiación.

La evolución es un proceso de aumento de complejidad que requiere cambios en los sistemas de información (estructurales). Cuando dentro de una

¹¹Anagénesis se refiere a la modificación de un linaje a lo largo de la evolución sin que esté implicado un proceso de aparición de una nueva especie.

especie surge un nuevo epifenotipo¹² o variante generada por la alteración en alguna de las etapas ontogénicas, nuevos tipos de conexiones se hacen posibles. La supervivencia de las variantes nueva o antigua depende del tipo de conexiones que se establezcan. A continuación se describen los patrones de conectividad posibles durante la diversificación para el caso de nuevos epifenotipos [53].

Caso I: Establecimiento de conexiones entre los nuevos epifenotipos con conservación de los patrones ancestrales. El polimorfismo conduce a que ambos epifenotipos sigan coexistiendo dentro de los demes¹³; la variación geográfica permite mayor complejidad o diversidad entre los demes. Dentro de una misma área geográfica, el sistema que contiene una población presenta menor complejidad que el que posee dos o más; es decir que a menor complejidad, mayor cohesión. Un polimorfismo estable es un fenómeno caracterizado por el aumento de complejidad debido al incremento de información mientras se mantienen constantes los niveles de cohesión. La misma población, una vez que se disperse para producir varios demes, presentará una caída entrópica en cohesión y en complejidad. La variación geográfica favorece la especiación cuando los aumentos de complejidad incluyen el establecimiento de un nuevo epifenotipo.

Caso II: Pérdida del nuevo epifenotipo en cada generación con retención de la ancestral. En este caso, cuando hay eliminación del nuevo epifenotipo, no hay aumento en la entropía de información y cohesión, y por tanto la especie se mantiene en una estasis dinámica. Es posible que esta situación se presente cuando la especie se dirige hacia el equilibrio dando lugar a una estabilidad que presenta resistencia al cambio. En este caso, la especie quedaría atrapada y restringida por su propio sistema de información, haciéndose incapaz de asimilar nueva información y de responder a factores extrínsecos. Esta especulación ayudaría a entender el fenómeno de estasis discutido por Eldredge y Gould.

Caso III: Eliminación del epifenotipo ancestral y estabilización de nuevos

¹²El epifenotipo define la transformación fenotípica propia de una clase de organismos a lo largo de su desarrollo o epigénesis. En otras palabras, el epifenotipo es lo que un investigador describe al distinguir el ciclo de vida de cierta clase de organismos.

¹³El término “deme” se refiere a poblaciones locales, y “población” corresponde a uno o más “demes”.

patrones de conectividad. Ejemplos: especiación alopátrica¹⁴, especiación parapátrica. El incremento inicial en complejidad se debe a sustitución o adición. En cualquier caso, hay un incremento inicial en entropía de cohesión seguido por una caída a medida que el nuevo epifenotipo predomina dentro del linaje. Puesto que las conexiones posibles entre los individuos del epifenotipo ancestral disminuyen a medida que éste desaparece, la cohesión total del linaje aumenta.

La especiación es un proceso entrópico que tiene lugar por medio de la consolidación diferencial de información potencial canalizada en la especie ancestral, en dos o más informaciones canalizadas en los descendientes. Todos los modos de especiación son variaciones de un proceso único. Las figuras 1.12 y 1.13 muestran las variaciones de entropía con el tiempo, para procesos de especiación en que: *a.* un sistema nuevo de información canalizada emerge con supervivencia del ancestral, y *b.* las especies nuevas emergen y la ancestral deja de existir.

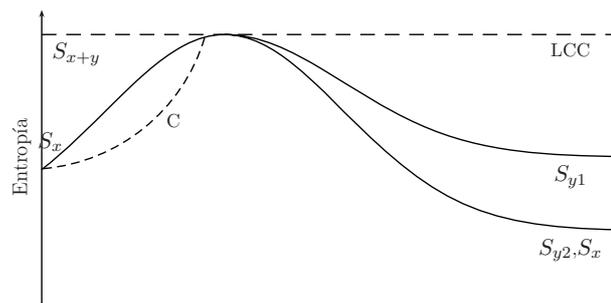


FIGURA 1.12. Dinámicas de especiación. Especiación con persistencia de la especie ancestral. S_x es la entropía del sistema plesiomórfico o ancestral. S_{y1} y S_{y2} son las entropías de los sistemas descendientes. LCC es la línea de cohesión o cero o umbral en el cual los cambios evolutivos se hacen irreversibles. En este caso: a) Cambios de cohesión. No hay cambio neto en la entropía, si en la especie descendiente S_{y2} hay sustitución de información. b) Cambios de cohesión e información. Puede ocurrir cambio neto en la entropía, si S_{y1} tiene información adicional. [49].

El origen y dispersión de los epifenotipos *Y* y *Z* produce un incremento en la complejidad de la especie ancestral; luego, la cohesión disminuye. En el punto de desorganización representado por la línea de cohesión cero, no se dan conexiones viables entre los epifenotipos, y la especie ancestral llega a

¹⁴Especiación alopátrica: define la aparición de nuevas especies a partir de poblaciones ancestrales que se han separado físicamente a consecuencia de un accidente geográfico.

su máximo de complejidad. La desorganización va seguida por consolidación diferencial, en la que cada nueva especie experimenta una caída en complejidad representada por una disminución de entropía. Si algún epifenotipo nuevo se desarrolla por la adición de nueva información, tenderá a ocupar un estado mayor de entropía, que se representa por Y_1 en la figura 1.12, y por Y y Z en la figura 1.13. Si éste se deriva por sustitución de la información ancestral por nueva, entonces pasará a ocupar el mismo estado entrópico de su ancestro tal como lo indica Y_2 en la figura 1.12. Estas gráficas se aplican tanto a la especiación parapátrica¹⁵ como a la simpátrica¹⁶. La especiación alopátrica se describe por una gráfica igual a la parapátrica, pero teniendo en cuenta que la cohesión se rompe por un evento extrínseco que tiene como efecto un decrecimiento del umbral de cohesión (LCC línea de cohesión cero), aumentando la probabilidad de especiación. Dados los mismos parámetros de entropía, cohesión y conexiones, la especiación alopátrica debe darse con mayor probabilidad que la parapátrica y la simpátrica porque representa una producción menor de entropía. Subsiguientes subdivisiones geográficas pueden permitir eventos inesperados por medio de la desorganización de las especies antes del incremento de complejidad, permitiendo que se manifiesten varios vectores evolutivos que tengan la posibilidad de realizarse sin competición.

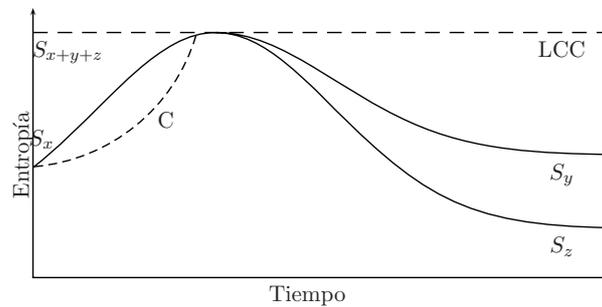


FIGURA 1.13. Dinámicas de especiación. Especiación con extinción del ancestro y formación de dos especies descendientes. Ambos descendientes presentan incremento de información. [49].

¹⁵Especiación parapátrica: define el proceso de especiación que tiene lugar cuando al menos una población de la especie ancestral se diferencia en una especie nueva a consecuencia de una variación geográfica, pero manteniendo una zona estrecha de contacto reproductivo con el resto de la especie ancestral.

¹⁶Especiación simpátrica: define todos los tipos de bifurcación de los linajes que tienen lugar dentro de la misma región geográfica.

De acuerdo al análisis anterior la especiación parapátrica debe presentarse con mayor frecuencia que la simpátrica. La especiación parapátrica requiere de un nivel mayor de producción de entropía que la alopátrica, pero menor que la simpátrica. Los cambios de entropía en la especiación simpátrica y parapátrica involucran la interacción entre información y cohesión, mientras que en la especiación alopátrica los patrones de cohesión se rompen por eventos extrínsecos que dividen las especies ancestrales. Dos o más poblaciones alopátricas pueden variar sin necesidad de integrar sus sistemas de información, lo que conduce a la especiación como consecuencia de un decrecimiento del umbral de cohesión (LCC). En la especiación alopátrica los cambios informacionales se retrasan con respecto a los cambios de cohesión entre poblaciones, mientras que en las especiaciones simpátrica y parapátrica los cambios en cohesión están retrasados con respecto a los informacionales puesto que estos últimos son responsables de los primeros. Por tanto, la especiación alopátrica requiere una acción extrínseca (geográfica) que desorganiza a las especies. La cohesión entre demes sigue la línea de cohesión cero, denominada C_1 en la figura 1.13. Cualquier deme que experimente un incremento en entropía suficiente para producir nueva información canalizada, se convierte en una nueva especie.

El umbral de especiación intrínseco estaría definido por la intersección de la curva de entropía informacional y la entropía de cohesión con la línea de cohesión cero. La ubicación de este umbral para cada especie en particular depende de la clase de información potencial canalizada que pueden generar y acumular. Un cambio muy sutil en la morfología de los cromosomas que interfiere en la meiosis puede jalonar la especie hacia la desorganización dando lugar a dos especies; por ejemplo, las mutaciones en los genes reguladores de los estados tempranos del desarrollo pueden incrementar la complejidad en corto tiempo; la transposición y la reorganización de las secuencias nucleotídicas pueden ocurrir en pocas generaciones; las duplicaciones cromosómicas pueden producir desorganización en una generación. La variación de caracteres puede tener efectos diferentes que van desde el polimorfismo y la variación geográfica a la especiación instantánea y el saltacionismo.

Los interrogantes más interesantes pertenecen al domino compartido entre la biología evolutiva y la sistemática filogenética: ¿cómo se origina la información potencial?, ¿cómo se canaliza la información no canalizada? Los árboles filogenéticos delimitan los taxas y caracteres que demandan explicación. El patrón de las apomorfias corresponde generalmente a la canalización de los eventos. El patrón de las plesiomorfias corresponde a las partes del programa ontogenético que permanece inalterado a pesar del aumento en

entropía. Teóricamente se puede postular un mínimo de información adicional requerido para que la especiación tenga lugar, o información mínima necesaria para que en un deme alopátrico se de la sustitución del epifenotipo plesiomórfico por el apomórfico. La historia evolutiva es única para cada especie y genera restricciones al imponer umbrales de estabilidad que deben ser superados a fin de permitir la realización de nuevos epifenotipos. Para que ciertos cambios tengan viabilidad en un futuro, deben integrarse con la información canalizada de una especie ancestral en particular.

En genética de poblaciones, el análisis de los caracteres polimórficos dentro de cada clado mide el grado de complejidad de una especie en particular. Un alto grado de polimorfismo podría sugerir la posibilidad de una especiación incipiente, mientras que un bajo polimorfismo es indicativo de una alta cohesión. El grado en que los caracteres polimórficos entre especies representan patrones filogenéticos es una medida directa de las restricciones ejercidas sobre la información potencial por acción de la información canalizada. Los caracteres polimórficos entre especies que no son indicativos de relaciones filogenéticas, corresponden a los no canalizados.

La especiación es el camino que siguen los sistemas vivientes, en cuanto poseen información cohesionada (ancestro) y disipan entropía, para alcanzar nuevos estados de orden representados en las especies descendientes. Así, la información expresada en las especies descendientes está restringida por la estructura de las especies ancestrales; en otras palabras, las especies están determinadas estructuralmente por la carga histórica que heredan. Por tanto, debe existir una correlación entre la historia de una especie y el orden histórico observado en las características que presentan los organismos. Este orden se observa en parte cuando se estudia la ontogenia de los organismos, o cuando se hacen análisis filogenéticos que arrojan una descripción del curso de la evolución en términos de mínimos de entropía; es decir, las observaciones empíricas de las transformaciones ontogenéticas de acuerdo con la ley de Von Baer¹⁷ y la sistemática filogenética de Henning¹⁸, se entrelazan dentro del esquema de la evolución lejos del equilibrio. La idea de los organismos

¹⁷La ley de Von Baer establece que cuando se comparan especies cercanas pertenecientes a la misma familia, se observan grandes similitudes en el proceso de desarrollo, de modo que es imposible distinguir las especies basándose en las características de los embriones. Además, Von Baer planteó el principio según el cual, durante el desarrollo embrionario, las características más generales de un grupo aparecen antes que las más específicas.

¹⁸Henning propuso agrupar las unidades taxonómicas de manera que fueran un reflejo de su historia evolutiva o filogenia. La sistemática filogenética se basa en hipótesis sobre las polaridades entre condiciones ancestrales y derivadas, y sobre los órdenes temporales de aparición de los caracteres. Para Henning, tal reconstrucción se reduce a la correcta identificación de los caracteres sinapomórficos (derivados compartidos).

como sistemas estructuralmente cerrados, que cambian debido a modificaciones intrínsecas de sus sistemas de información, no pretende eliminar los factores extrínsecos que pueden afectar el proceso evolutivo. Cada especie vive en el contexto de su medio ambiente, que le proporciona una serie adicional de restricciones que pueden acelerar o demorar el proceso evolutivo. Por esta razón es importante el estudio de las filogenias dentro del contexto de las asociaciones ecológicas y biogeográficas; de esta manera se podrían documentar las restricciones históricas ejercidas sobre determinadas asociaciones ecológicas. El conocimiento de estas restricciones permite comprender el papel de los factores extrínsecos en la eliminación o promoción de ciertas trayectorias evolutivas, es decir en la modificación de los sistemas internos de información.

Hasta aquí hemos visto como la propuesta de Wiley y Brooks tiene el enorme mérito de haber reconciliado la evolución con la entropía y mostrado su aplicabilidad incluso a procesos de especiación sin alejarse del programa neodarwinista. Sin embargo, esta propuesta tiene una enorme debilidad al no explicar el origen de la información potencial susceptible de ser canalizada. Las hipótesis que desarrollaré en el tercer capítulo abordarán este punto mostrando que existe una variación potencial canalizada a consecuencia de la actividad semiótica estrechamente asociada a los sistemas vivientes. No obstante, la justificación termodinámica de esta propuesta novedosa va más allá de lo que Wiley y Brooks lograron anticipar.

1.6. Autopoiesis

La autopoiesis o actividad de autoconstrucción y renovación permanente es por excelencia la característica primordial de la vida [54]. En estos procesos la información se evalúa pragmáticamente por su calidad, es decir, en la medida en que ayude a la autoorganización y canalización eficiente de los flujos de energía. La vida aparece en sistemas termodinámicos abiertos y lejos del equilibrio en los que se da una constante autorrenovación. La vida es autorreferente, puesto que utiliza y moldea el medio de acuerdo con su estructura. La vida no podría mantenerse sin el flujo permanente de energía, materia e información desde el entorno; sin embargo, su estructura y restricciones internas definen el tipo de interacciones que puede establecer. Esto diferencia a la vida de los sistemas mecánicos, que tienen como referencial una función asignada desde afuera por el diseñador, orientada hacia la producción de un resultado específico.

En la estructura autopoietica hay permanente renovación, oscilando en-

tre el potencial de innovación creadora que propone el estado lejos del equilibrio y la realización conservadora que propone la estructura en equilibrio. Son estructuras con capacidad de elegir alternativas y, desde este punto de vista, su contenido y capacidad de procesamiento de la información es mayor. La evolución de la vida podría verse como el despliegue espacio-temporal de múltiples potencialidades, que permiten a los organismos ejercer distintos tipos de autonomía con respecto al entorno. Autonomía entendida no como independencia, sino como la capacidad de definir cuáles son los tipos de interacción que puede establecer con el entorno. Esta autonomía es la que permite ver a los seres vivos como agentes físicos dotados de actividad subjetiva¹⁹ y capaces de ejecutar procesos de medición. Esta propuesta que ha hecho posible ver la vida desde el punto de vista de su actividad, ha desempeñado un papel importante para desviar las miradas excesivamente influenciadas por el determinismo genético.

1.7. Teoría algorítmica de la información

En las presentaciones de Boltzmann, Shannon y Brooks, las medidas de información y entropía están basadas en el cálculo de probabilidades. Por el contrario, la propuesta de Chaitin se deriva de una teoría de algoritmos enfocada al estudio de objetos individuales. Un algoritmo es un procedimiento matemático para obtener un resultado deseado por medio de un número finito de operaciones computables. La teoría algorítmica de la información fue el resultado de la búsqueda de una definición o medida de la aleatoriedad, para evitar el uso poco riguroso de la palabra azar, o aleatorio. Una elección al azar significa dos cosas: primero, que los eventos tienen igual probabilidad de ser elegidos, y segundo, que los resultados de una serie de elecciones no presentan un patrón discernible de orden. En situaciones prácticas, las probabilidades casi nunca son iguales, y las series generadas por un proceso aleatorio poseen diversos grados de aleatoriedad susceptibles de medición. Por ejemplo, consideremos las siguientes secuencias : (1) 01010101010101010101 y (2) 0110110011011110001000. La primera presenta un patrón de ordenamiento que presumiblemente se continua indefinidamente, mientras que, por el contrario, la segunda no presenta ninguna regularidad. Sin embargo, ambas secuencias tienen el mismo número de dígitos y por tanto, tienen la misma probabilidad de ocurrir.

¹⁹Se entiende por sujeto (*subjectum*) el ser que experimenta, representa, piensa y quiere; etimológicamente, “lo sub-puesto” (o puesto debajo), en el sentido de una causa original, sobre la que todo descansa. *Objectum*, por el contrario, significa “lo contrapuesto al sujeto”

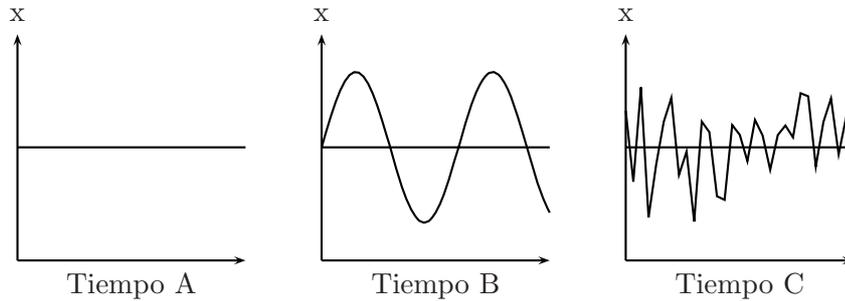


FIGURA 1.14. Compresibilidad decreciente. Ejemplos de series temporales que muestran las variaciones de una cantidad observable en función del tiempo. A=constante, B=periódica, C=aleatoria. Los valores constantes de A pueden comprimirse en un algoritmo que diga “repita el valor inicial N veces”. En B, la serie que se repita periódicamente puede comprimirse por medio de un algoritmo que diga “repita la secuencia de 0 a $\frac{N}{2}$ dos veces”, el cual es un poco más largo que el anterior. La serie C no puede comprimirse y el algoritmo que la describe debe instruir sobre el copiado en cada caso de cada uno de los valores registrados de 0 a N. Si una propiedad del mundo real es incompresible algorítmicamente la manera más compacta de simular su comportamiento es reproduciendo fielmente el proceso mismo. En este caso, aunque la secuencia parece ser completamente aleatoria, algún tipo de orden puede estar implícito

Kolmogorov[56] y Chaitin[57] (1969, 1975) definieron complejidad ó entropía como la longitud del algoritmo o programa más corto necesario para generar una serie de símbolos en un computador. Por consiguiente, el mensaje 01010101010101010101 es altamente ordenado y tiene baja complejidad y baja entropía, mientras que el mensaje 0110110011011110001000 es desordenado y tiene alta complejidad y alta entropía. ¿Es posible una definición de aleatoriedad que dé cuenta de la cantidad de azar en la secuencia? Según Chaitin, la versión más comprimida que se puede obtener de una secuencia de símbolos es aleatoria; es decir, la presencia de un símbolo determinado en una posición nada dice sobre la probabilidad de ocurrencia de un símbolo en las posiciones siguientes. La longitud del programa o algoritmo más corto, en bits, que especifica la secuencia es la entropía de la secuencia. Cuando se presentan series de símbolos con patrones regulares de ordenamiento o de repetición, su descripción da lugar a versiones compresibles en algún grado. Para lograr esta compresión de información se deben eliminar todos los patrones y regularidades que presente. Por consiguiente, la secuencia resultante es indistinguible de una secuencia aleatoria. Resumiendo, una serie

(o colocado delante del sujeto)[55].

es aleatoria si presenta una complejidad o entropía algorítmica igual a su tamaño en bits, o sea cuando la secuencia y el programa mínimo que la generan presentan la misma complejidad (véase figura 1.14).

Los números racionales están representados por una secuencia infinita de decimales. El programa de computador necesario para calcular la secuencia de un número racional puede ser muy simple y corto, por ejemplo “divida 17 sobre 39”, y la respuesta es la serie 0.435897435897435897435897... que, aunque infinita, presenta con claridad un patrón a partir del cual el resto es predecible. Conociendo el patrón de ordenamiento de esta secuencia puede escribirse un programa que genere la secuencia infinita. Por tanto, una secuencia finita puede tener la información de una infinita. Ahora, ¿puede considerarse aleatoria la secuencia decimal de los dígitos que representan a “ π ” o “ e ”? Estas series no presentan un patrón ordenado a partir del cual el resto pueda predecirse, y en ese sentido se consideran aleatorias. Sin embargo, cada dígito es computable por un algoritmo con un contenido de información finito. Se concluye que pueden existir mensajes finitos especificados por un algoritmo, que llevan toda la información de una secuencia infinita que no contiene patrones de orden o regularidades discernibles. Cada método de computación es descriptible por un número finito de símbolos, es decir, por un algoritmo. Existen además un número infinito de números y funciones que no son computables. En consecuencia, se puede establecer una jerarquía de aleatoriedades de acuerdo con la entropía de la secuencia comprimida. Una secuencia muy larga que puede comprimirse en una más corta es una secuencia ordenada, aunque con algún grado de aleatoriedad estimable por el tamaño del programa más corto necesario para describirla por medio de una serie binaria (1, 0). Por ejemplo, la cantidad de aleatoriedad de π es la del algoritmo más corto para calcularlo: “divida circunferencia sobre diámetro”. Este enfoque permite definir como “serie ordenada”, a aquella que es compresible y que por tanto puede especificarse por un algoritmo más corto que la serie en cuestión.

Estimemos el número de series de dígitos que tienen un alto grado de aleatoriedad. Las series de números que no son aleatorias son excepcionalmente bajas: de todas las series binarias sólo hay una que consta únicamente de “0”s y otra de “1”s ; las restantes son menos ordenadas, y la gran mayoría, aleatorias. Para escoger un límite, calculemos la fracción de las series binarias de n dígitos que tienen una complejidad menor de $(n-10)$. Supongamos que se trata de series binarias (0, 1) de longitud “1”. Una serie muy ordenada puede generarse por un programa de un símbolo, “0” o “1”, hay dos programas de este tipo. Hay 2^2 programas que pueden especificarse con dos símbolos (0,0) (0,1) (1,0) (1,1). En general existen 2^i programas especi-

ficados por un número “i” de símbolos. El número total de estos programas está dado por la serie $S = 2^1 + 2^2 + 2^3 + 2^4 + \dots + 2^{n-11} = (2^{n-10} - 2)$. Puesto que $\frac{2^{n-10}}{2^n} = \frac{1}{1024}$, se deduce que de todas las series binarias de n dígitos alrededor de 1 entre 1000 presenta una complejidad igual o menor de (n-10). En otras palabras, solamente 1 entre 1000 puede comprimirse en una serie menor en 10 dígitos que la original; es decir, más de 99.9% de todas las series binarias de 1000 dígitos tienen una complejidad igual o mayor que (n-10). Si este grado de complejidad se considera aleatorio, entonces casi todas las series de n dígitos en realidad son aleatorias. Por ejemplo, si una moneda se lanza al aire n veces, hay una probabilidad mayor de 0.999 que el resultado sea aleatorio.

Es imposible probar si una serie dada es aleatoria o no, mientras que es factible mostrar que una determinada serie no es aleatoria. Para ello, lo único requerido es encontrar el programa que comprime la serie en una sustancialmente más corta sin necesidad de demostrar que es el mínimo posible (bastaría con que sea más corto que la secuencia original). Para probar que una serie dada es aleatoria, hay que mostrar que no existe un programa más corto que la genere, lo cual, según Chaitin, es indemostrable. Además, en esencia es indecidible si una secuencia aleatoria se ha generado por un proceso estocástico o por uno de alta organización. Para Chaitin, la imposibilidad de decidir si una secuencia es aleatoria o no es una manifestación del teorema de Gödel²⁰.

Esta teoría es análoga a la manera como se crean y validan las teorías

²⁰Supongamos la existencia de un algoritmo corto “P” que se puede emplear para demostrar la aleatoriedad de una secuencia “S”, donde: $S \gg P$. Entonces, se procede a utilizar este programa “P” como subrutina de un programa más largo designado para generar “S”. Para poder hacer esto, se incluye el algoritmo en un bucle generador de pruebas de aleatoriedad y se ensayan programas en orden creciente de longitud para encontrar uno que genere la serie “S”. Si la prueba de aleatoriedad encuentra un valor entero mayor que “P” y menor que “S”, éste se detendrá e imprimirá el número. Así, un programa corto que se use para probar que “S” es aleatorio, convertirá a “S” en no aleatorio. Esta contradicción se resuelve solamente si concluimos que los axiomas usados en la prueba de aleatoriedad son inconsistentes, o que la búsqueda de pruebas de aleatoriedad debe continuar de manera indefinida, sin ningún éxito en el rango de series mayores que el programa. Por tanto es imposible distinguir entre una secuencia aleatoria y otra no aleatoria. Este caso es equivalente a las paradojas de los conjuntos que se contienen a sí mismos como miembros. Si Epiménides el cretense afirma: “Todos los cretenses son mentirosos”, ¿este enunciado es cierto o falso?. Esta paradoja muestra que dentro de sistemas formales hay enunciados ciertos que no pueden ser probados. Por ejemplo: “encontrar el número entero positivo más pequeño que para ser especificado requiere más caracteres que los que hay en esta frase”, ¿especifica esta frase un número entero positivo?. Esta paradoja permite demostrar que no se puede probar que un número específico es aleatorio.

científicas. Los investigadores siempre tratan de encontrar una teoría que explique sus datos; en otras palabras, tratan de encontrar algoritmos más cortos y de aplicación más general que los datos experimentales. El valor de una teoría científica radica en su capacidad de proveer una descripción compacta de uno o varios fenómenos que a primera vista aparecen como diferentes y sin relación. El científico se parece al tahr que trata de encontrar la manera de sacar ventaja de las probabilidades en un juego de azar, y elabora listas de los números favorecidos, con el fin de descubrir alguna regularidad que permita inferir sobre el resultado de la siguiente jugada. La mejor teoría solamente dará probabilidades y no predicciones exactas.

Goel y Thompson[58] afirman que el contenido de información de las proteínas en una célula de mamífero es del orden de 6×10^5 bits, basándose en un estimativo de un total de 4×10^4 proteínas y de 16 bits de información en promedio para cada una. Supongamos que la descripción completa de las estructuras y funciones esenciales de un organismo tienen un contenido de K bits. El organismo se puede explicar en ese nivel por una secuencia binaria de K bits, pero no sabemos si puede existir otro valor más pequeño que explique al mismo organismo. Además, si suponemos, por ejemplo, que el límite inferior de complejidad es $K \geq 6 \times 10^5$, entonces, al menos 6×10^5 bits de información esencial estructural son inexplicables. A este límite mínimo de complejidad atribuible a una forma biológica se le denomina complejidad biológica irreducible. No importa el valor de esta complejidad, sino el hecho de que la vida presenta un mínimo de complejidad irreducible e inexplicable. Por ejemplo, los organismos unicelulares más pequeños son del tipo denominado pleuromona, una clase muy simplificada de bacterias (micoplasma) cuyo número de genes ha sido estimado en 1000 en comparación con los 3000 estimados para *Escherichia coli*. ¿Por qué las formas de vida más pequeñas tienen un genoma del orden de 7×10^5 p.b. y no menor?.

Chaitin[59] demostró que no se puede probar matemáticamente que una serie dada binaria tenga un contenido de información mayor que K , a menos que el contenido de información de sus axiomas matemáticos sea mayor que K . Se deduce que nunca se puede demostrar que la hipótesis de complejidad irreducible es cierta, no obstante, se puede demostrar que es falsa para un valor particular de K , al presentar un algoritmo que genera las estructuras en cuestión con un contenido menor de K bits. La demostración podría consistir en mostrar que un algoritmo simple, como por ejemplo uno de optimización evolutiva, puede generar las estructuras en cuestión a partir de unas más simples. Sin embargo, aun en este caso habría un valor mínimo para estos algoritmos. Por tanto, la hipótesis de la complejidad biológica irreducible satisface el criterio de falsabilidad de Popper. En el presente, la

cantidad de información biológica acumulada excede ampliamente a la que se ha explicado, a la vez que representa una mínima parte con respecto a lo que no se ha descrito todavía. Considerando que una explicación es una compresión de información, estamos lejos de llegar a un nivel de acumulación de información que permita comprimir la información existente al mínimo de complejidad irreducible. ¿Hasta cuánto podría comprimirse la información (conocida y no conocida) que describe a los seres vivos? ¿Cuál sería este valor?

¿Constituyen las formas de los organismos vivientes un tipo particular de orden independiente de las leyes físicas?. La clase de todos los arreglos moleculares posibles que potencialmente constituyen a los seres vivos es inmensa y excede a 10^{100} . Por tanto, los organismos pertenecen a un subconjunto muy pequeño de los posibles. La heterogeneidad de clases en la naturaleza corresponde a un orden natural primario e irreducible, o a una forma fuerte de hipótesis de irreducibilidad.

1.8. Entropía Física: La aproximación internalista de Zurek

Para W. Zurek es posible establecer una definición de entropía que reúne simultáneamente la entropía probabilística de Shannon con la entropía algorítmica de Chaitin. Representar la entropía como una cantidad híbrida es posible desde el punto de vista de un referencial interno u observador interesado en la extracción de trabajo útil. Aunque desde un punto de vista externalista esta presentación no interesa mucho, permite no obstante aplicar los conceptos de entropía, irreversibilidad e información al entendimiento de los procesos de medida y por extrapolación a la formalización de las interacciones entre los sistemas vivientes, tal como explicaré en el capítulo tercero.

Zurek define “entropía física” (S) como la cantidad de energía libre que puede convertirse en trabajo útil por acción de un demonio de Maxwell. Zurek imagina un referente u observador interno representado como Sistema Colector y Usuario de Información (IGUS) que estima la cantidad de trabajo que una máquina de cómputo puede extraer, teniendo en cuenta el balance total de entropía producida a causa del procesamiento de los datos. También un IGUS puede imaginarse como un observador que sondea su entorno por medio de la ejecución de una serie de mediciones, y que procesa los resultados con el fin de definir las acciones que conducen a una optimización de la cantidad de trabajo útil. A medida que el número de mediciones tiene lugar

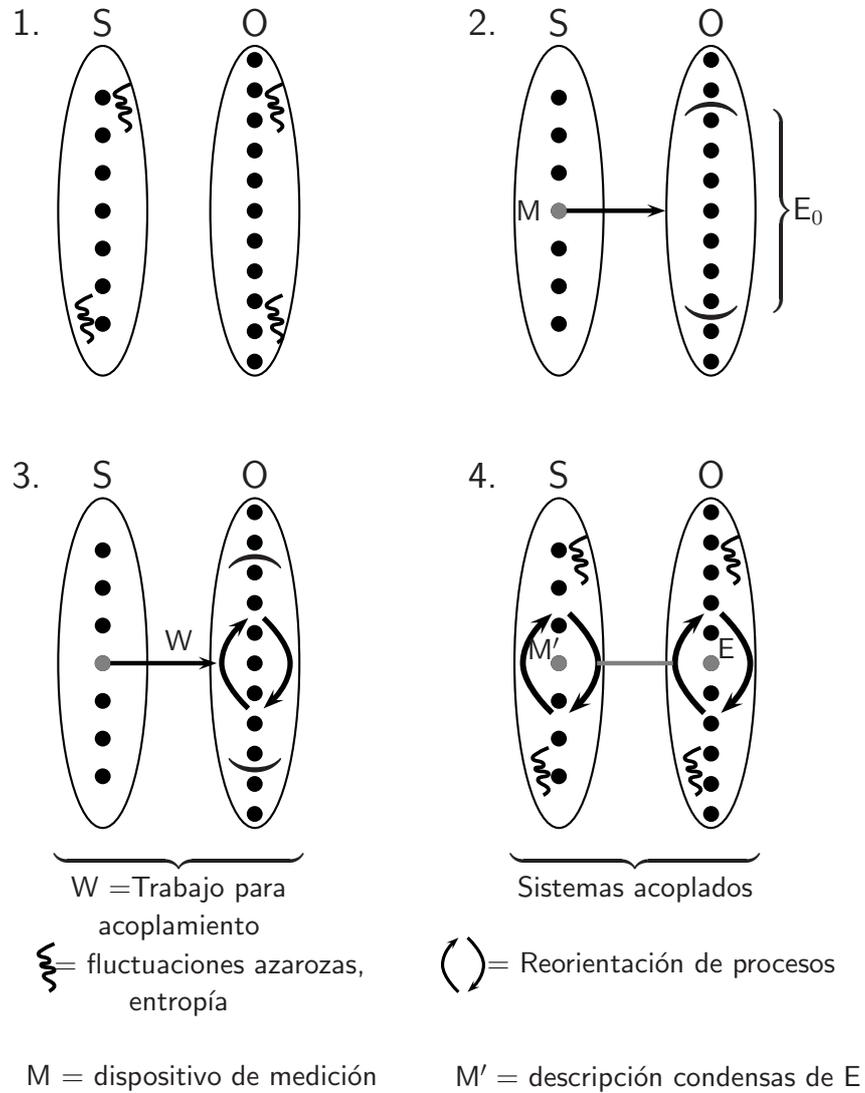


FIGURA 1.15. Trabajo necesario para establecer acoplamientos. (1) Sistemas no acoplados. (2) El sistema (S) posee un dispositivo de medición (M) con el que puede reconocer algunos elementos (E_0) del entorno (O). (3) El sistema (S) ejecuta un trabajo con el fin de establecer un acoplamiento. (4) Acoplamiento entre sistema S y O como resultado de la interacción entre M y E. Este acoplamiento se paga con fluctuaciones aleatorias en S y O.

su incertidumbre acerca del entorno disminuye y la información ganada incrementa el tamaño del registro. (figura 1.15). Los IGUS se conciben como observadores internos, es decir como sistemas físicos interesados en la cantidad de trabajo extraíble. La entropía física (S) es por definición igual a la suma de dos cantidades independientes: la entropía de Shannon (H) ó ignorancia remanente en el observador más la complejidad algorítmica de Chaitin (K) referida a la serie de símbolos que registra la disminución en la incertidumbre. Por tanto para cualquier estado del sistema $S = H + K$. Se asume que el IGUS actúa como el agente causal del proceso físico que convierte la información faltante ($H =$ entropía de Shannon)²¹ en aleatoriedad conocida ($K =$ complejidad algorítmica del registro en términos de Chaitin)²². Las mediciones disminuyen la ignorancia acerca del entorno físico, pero incrementa el tamaño (aleatoriedad algorítmica) del registro que describe la información obtenida. La diferencia entre H y K determina la ganancia en trabajo neto. El modelo explica como la cantidad de energía que puede ser usada por el IGUS depende de la complejidad algorítmica del registro, puesto que entre más comprimido este el registro (menores valores de K), mayor será la cantidad de trabajo W que puede ser extraído lejos del equilibrio. Lejos del equilibrio ΔH es mayor que ΔK , mientras que la cantidad de trabajo neto que podría ser extraído en equilibrio es nula dado que en este caso ΔH sería igual a ΔK .

El trabajo neto (ΔW) obtenido a temperatura T por el IGUS esta determinado por la suma: $\Delta W = \Delta W^+ + \Delta W^-$. Donde ΔW^+ es el trabajo ganado debido al cambio en entropía de Shannon, dado por $\Delta W^+ = T(H_f - H_i)$. ΔW^- es el costo de actualización de la memoria del observador que reem-

²¹La entropía de Shannon (H) mide la incertidumbre del observador referida al número de mensajes posibles que pueden ser emitidos por una fuente dada. Es una noción estadística y probabilística referida al número total de elementos de un conjunto de microestados que son compatibles con un macroestado, tal que $H = \log_2 P$ para un numero P de eventos con probabilidad igual, y $H = -\sum p_k \log_2 p_k$ para un numero k de elementos con proba-

bilidades diferentes e iguales a p_k . $H_d = -\sum p_{k/d} \log_2 p_{k/d}$, representa la incertidumbre acerca de los microestados que todavía faltan a pesar de la disponibilidad de los datos (d), donde $p_{k/d}$ es la probabilidad condicional del estado s_k dado d . Las mediciones cambian la probabilidad condicional $p_{k/d}$ de los microestados y como resultado H_d disminuye.

²²Los programas mínimos son los programas mas pequeños que son capaces de producir una serie particular de símbolos en al salida de un computador C ; el tamaño de estos programas se mide en bits y su valor corresponde a la entropía o complejidad algorítmica de la serie [59]. De acuerdo con Zurek[61] la complejidad algorítmica de una serie binaria s , es el tamaño del programa mínimo $S \times u$, que computa la secuencia s en un computador universal U ; $K_{u(s)} \equiv [S^* u]$. La introducción del computador universal reduce, pero no elimina, la importancia de la subjetividad.

plaza el registro desactualizado correspondiente a las condiciones iniciales r_i , con el registro r_f que describe su conocimiento acerca del estado final, dado por $\Delta W^- = T(K_f - K_i) = T([r_f^*] - [r_i^*])^{23}$. Zurek[60] demostró que $\Delta W^- = K_{i/f} = r_{i/f}^* = [r_i^*] - [r_f^*]$, donde $r_{i/f}^*$ es el tamaño del programa mínimo que computa r_i dado r_f^* . La extracción de energía se hace posible solamente a través de la compresión del registro (r) que depende de una codificación eficiente dada por la habilidad del IGUS para percibir su mundo de experiencia en términos de regularidades. Pero la eficiencia máxima en energía extraída solamente puede alcanzarse cuando $r_{i/f}$ es el programa mínimo $r_{i/f}^*$, lo cual solamente puede obtenerse cuando el número finito de pasos (n) usado para encontrar r^* , tiende a infinito (∞) en conformidad con el teorema de parada de la computación.

Para concluir, las condiciones que permiten la ejecución de las operaciones de medición y registro de un IGUS son: 1. Apertura termodinámica. 2. Lejanía del equilibrio. 3. Memoria. Zurek[60, 61] afirma que la segunda ley no puede violarse porque la información faltante impone límites a la extracción de trabajo.(Ver apéndice)

²³ $[r^*]$ indica el tamaño del programa mínimo en bits.

Capítulo 2

Moléculas e información

2.1. La biología molecular: una empresa multidisciplinaria

La biología molecular es heredera de una tradición compartida por diferentes culturas científicas que condujeron a la emergencia de un nuevo modo de ver los procesos vitales. Bioquímicos, físicos y genetistas se han disputado su paternidad, considerándola cada uno como continuación de su perspectiva tradicional. Su origen fue el resultado de una revolución científica que definió un objeto propio de estudio en un espacio transdisciplinario, el cual, a medida que se enriquecía y consolidaba, fue adquiriendo la forma de un dogma y de una disciplina institucionalmente diferenciada de las demás. El objetivo de la biología molecular se define como el entendimiento de los fenómenos vitales, por medio de su reducción a estructuras y procesos moleculares. En particular, gira en torno a la noción de un programa o información codificada a nivel molecular que lleva inscritas las características propias de los organismos.

Los bioquímicos ven en esta disciplina una continuación de sus indagaciones sobre los procesos catalíticos y enzimáticos intracelulares. La identificación de los ácidos nucleicos y la definición de su estructura polimérica por Miescher se hizo dentro del esquema analítico, que buscaba describir la naturaleza química de los componentes celulares. No obstante, permitió anticipar el moderno concepto de información [62].

Los genetistas contribuyeron a la naciente disciplina aportando el concepto de gen como unidad de transmisión hereditaria, junto con las ideas de segregación cromosómica y el desarrollo de modelos experimentales que permitieron ubicar la posición relativa de los genes dentro de los cromoso-

mas. Sin embargo, la genética no explica cómo las diferentes características hereditarias se hallan registradas en los genes.

Los físicos, por su parte, se atribuyen los estudios estructurales de macromoléculas por medio de la difracción de rayos X y de la cristalografía, que permitieron la modelación tridimensional de moléculas proteicas y, posteriormente, la obtención de los patrones de difracción del DNA que servirían de soporte empírico a Watson y Crick para construir el modelo de la doble hélice.

Sin embargo, más allá del desarrollo estructuralista, la noción misma de información desarrollada al interior de la física se constituyó en el aporte más significativo a la emergencia de esta nueva disciplina.

A medida que avanzaba la descripción química de los componentes de la vida, se ampliaba el vocabulario adoptado de la teoría de la información, para explicar las funciones moleculares en el contexto celular. Esta disciplina adoptó términos como información, programa, señal, receptor, código, mensajero, transcripción, retroalimentación, traducción, promotor, fidelidad, control, represor, ligando, segundo mensajero, presentación, acompañantes, que se fueron revistiendo de un significado específico, más allá de su campo connotativo original. Estos términos abundan en los textos modernos, pese a que, desde la perspectiva clásica externalista no hay consenso sobre su aplicabilidad al micromundo molecular que buscan describir. No obstante, este lenguaje indica que al menos en sentido metafórico, las células se conciben como procesadoras de mensajes informativos y de señales moleculares; es decir, como agentes dotados de capacidad interpretativa. En otras palabras, este lenguaje sugiere que los sistemas moleculares podrían cumplir el papel de observadores internos y que la descripción, que como observadores externos hacemos del mundo natural, debe tratarlos como tales.

2.2. Del “molde interior” al “dogma central”

En el siglo XVIII, se consideraba que la forma se transmitía de padres a hijos por la intervención de una “memoria” que orientaba el arreglo de las partículas básicas constitutivas de lo viviente. La naturaleza de la sustancia vital u “orgánica” era de naturaleza corpuscular, en clara consonancia con el mecanicismo. Según Buffon, la verdadera individualidad viviente es molecular, monádica.

“La vida del animal o del vegetal no parece ser más que el resultado de todas las acciones, de todas las pequeñas vidas particulares de cada

una de estas moléculas activas en las que la vida primitiva parece no poder ser destruida. Hemos hallado estas moléculas vivientes en todos los seres vivientes o vegetantes; estamos seguros de que todas estas moléculas orgánicas son igualmente propias de la nutrición y, por consiguiente, de la reproducción de los animales o de los vegetales. Por consiguiente, no es difícil concebir que, cuando un cierto número de estas moléculas se agrupan, forman un ser viviente; estando la vida en cada una de estas partes, se puede encontrar en un todo, en cualquier ensamblaje de estas partes.” [63].

Para explicar el proceso de continuidad de las formas a lo largo de sucesivas generaciones, Maupertuis (1698-1759) sostenía que las partículas mantienen la memoria de su posición anterior y regresan a su posición adecuada cada vez que pueden, contribuyendo así a la formación de la parte correspondiente en el feto. Para Maupertuis, la materia está dotada no sólo de memoria, sino también de “intelecto, deseo o aversión” [64].

Por otra parte, Buffon (1707-1788) calificaba esta explicación como insuficiente y postulaba la existencia de una “estructura especial”, que actuaba como la matriz o el patrón que guiaba a las partículas para que la forma de los padres pudiera reproducirse. Se trata de la hipótesis de un molde que la naturaleza fabrica para poder dar y transmitir la forma, no sólo al exterior sino sobre todo al interior de los organismos. Buffon es consciente de la dificultad que implica reproducir formas tridimensionales, problema que resuelve con la idea de un “molde” que no se limita a reproducir la superficie (externa), sino que, como un centro de atracción, tiene la capacidad de guiar a los corpúsculos necesarios para el crecimiento hacia el interior de cada parte y en todas las dimensiones, de acuerdo con cierto orden y medida, de modo coordinado y armónico. El “molde interior” se equiparaba a una estructura escondida, que explicaba las características constantes e invariantes de cada especie. No obstante, con el ánimo de refutar el preformismo —doctrina según la cual los primeros organismos de cada especie contenían, unos dentro de otros, las semillas de todas las generaciones subsiguientes— el “molde interior” debía reconstituirse en cada generación. La concepción corpuscular aplicada a la materia viviente reñía con el preformismo, puesto que el empaquetamiento estaría impedido por falta de espacio suficiente. Para Buffon, la naturaleza producía un número infinito de obras, ya fueran organismos vivientes u objetos inanimados, por combinaciones de unidades básicas. Para el caso de los seres vivos, estos arreglos se resuelven en configuraciones tridimensionales responsables de las formas.

“Se puede objetar que esta expresión, “molde interior”, . . . es como si uno quisiera combinar la idea de superficie y la idea de masa, y uno podría

mejor expresarla tanto como “superficie masiva” o como “molde interior”... “Lo más constante e inalterable en la naturaleza es la impresión o molde de cada especie, tanto en animales como en plantas, lo más variable y corruptible es la sustancia de que están compuestos.” (Buffon citado por [64]).

Sin embargo, a pesar del avance del corpuscularismo en el siglo XVIII, para muchos naturalistas la vida obedecía a la acción de fluidos que penetraban los tejidos orgánicos y, por tanto, las propuestas de Buffon no tuvieron un desarrollo inmediato. La concepción “fluida” de la vida, todavía vigente en el siglo XIX, estaba presente en modelos que combinaban tanto aspectos mecánicos como vitalistas. Por ejemplo, para Schleiden y Schwann, a partir de una sustancia fluida, continua, amorfa e indiferenciada, se generaban puntos cargados electromagnéticamente que actuaban como centros de atracción y organizaban la estructura de los corpúsculos, hasta que todo el espacio en su órbita de influencia se rodeaba de una membrana o frontera delimitante [65].

“El mismo proceso de la formación y transformación de células dentro de una sustancia amorfa —el citoblastema— se repite en la formación de todos los órganos de un organismo, así como en la formación de nuevos organismos, y el fenómeno fundamental mediante el que se expresa en general la fuerza productiva de la naturaleza orgánica, es por consiguiente el siguiente: existe en principio una sustancia amorfa que yace bien en el interior, bien entre las células ya existentes. En esta sustancia se forman, de acuerdo con determinadas leyes, células, y estas células se desarrollan de modo diverso en las partes elementales de los organismos.” (Schwann citado por [65]).

Por oposición y en franca ruptura con esta concepción, a finales del siglo XIX August Weismann (1834-1914), retomando la tradición corpuscular, postuló la existencia de moléculas “bióforas” que se hallaban almacenadas en el núcleo, se originaban en los cromosomas y, fuera del órgano nuclear, se multiplicaban para ordenarse en el protoplasma. En el plasma germinal ubicado en el núcleo, los “bióforos” formaban unidades superiores o “determinantes”, de modo que cada determinante contenía todos los “bióforos” necesarios para formar un tipo determinado de células. Estos determinantes, a su vez, se ordenaban en los “ides”. Un “id” contenía una serie completa de determinantes para producir un organismo completo y era en sí mismo una entidad organizada que asimilaba, crecía y se dividía como una unidad.

Esta teoría, precursora de las moléculas informacionales de hoy en día, no tuvo la suficiente acogida debido a que el interés estaba dirigido hacia el

estudio de los fermentos, que se consideraban como los pilares de la actividad celular. A su vez, la idea de la catálisis enzimática, ejercida por los fermentos, se abrió paso compitiendo con las escuelas de pensamiento que veían en el protoplasma y en los coloides la sustancia vital por excelencia.

A principios del siglo XX se pensaba que la acción del núcleo sobre el citoplasma estaba mediada por “fermentos”, de modo que los factores hereditarios también estaban asociados a ellos [66]. A medida que la asociación entre enzimas y factores hereditarios ganaba aceptación, la búsqueda de partículas autorreplicantes perdía sentido, puesto que esta propiedad requería un nivel de organización superior al molecular. Cuando Weismann propuso la existencia de unidades morfológicas y fisiológicas autorreproducibles, tenía en mente agregados de muchas moléculas, de manera que la replicación génica debía ser un proceso autocatalítico análogo al crecimiento de un cristal. La idea de que los mecanismos de la herencia debían involucrar numerosas sustancias con propiedades autocatalíticas transmitidas independientemente, iba ganando consenso.

Troland asoció los factores mendelianos con enzimas, y distinguió entre la actividad autocatalítica y la heterocatalítica de los genes; la primera, responsable de la autorreproducción y la segunda, de la producción de otras sustancias [67]. La actividad autocatalítica de los genes era considerada como el gran enigma de la biología. Se suponía que esta actividad era afín al crecimiento cristalino, en el que los campos de fuerzas alrededor del cristal semilla atraían las moléculas del solvente, que se acomodaban por su forma siguiendo un criterio de complementariedad estructural del tipo “llave-cerradura”.

La estrecha asociación entre las ideas de replicación génica y autocatálisis hacía que ambas se concibieran como igualmente importantes. Hablar de replicación sin autocatálisis era imposible, como era inconcebible una autocatálisis sostenida sin replicación. En este mismo sentido, las teorías sobre el origen de la vida caían en el problema insoluble de qué fue primero, ¿la replicación o la catálisis?

Con el ánimo de discutir el estado de la bioquímica de los años 40, Szent-Gyorgyi afirmó:

“Por medio, de nuestras sustancias activas logramos producir las reacciones biológicas más asombrosas, pero fallamos siempre que queremos proponer una explicación de los mecanismos moleculares. Es como si todavía faltara algún dato de la vida, sin el cual cualquier comprensión se hace imposible. Puede ser que el conocimiento de los “niveles comunes de energía” inaugure una nueva época en bioquímica, llevando esta ciencia al dominio de la mecánica cuántica”.

Szent-Gyorgyi manifestaba la insuficiencia del modelo mecánico y entreveía una posible reducción cuántica para la biología. De acuerdo con esta propuesta, las proteínas se comportaban como estructuras que permitían la emergencia de niveles comunes de energía, en los que los electrones de valencia dejarían de pertenecer a un átomo en particular para pertenecer al sistema molecular total; se generaban a través de las interacciones entre proteínas, un nivel continuo de energía por medio del cual los electrones excitados podrían viajar cierta distancia. Para Szent-Gyorgyi, la química de las proteínas no explicaba la naturaleza de las funciones catalíticas, a menos que a nivel de la estructura atómica se canalizara un nivel energético común más fundamental, que explicara el comportamiento de las diversas macromoléculas como una totalidad organizada. Si una célula forma un campo de energía, una molécula que se le aproxime en cualquier punto podía alterar el sistema y romper la continuidad en el espacio celular.

No obstante, en ese momento los desarrollos de la química cuántica eran insuficientes para trabajar modelos como el propuesto por Szent-Gyorgyi, y el único camino viable era la profundización del programa analítico de investigación, que permitía separar e identificar las moléculas que participaban en las reacciones intracelulares. En esa década, los datos empíricos se interpretaban dentro del paradigma de la “fluidez de la vida y la adaptación enzimática”.

2.2.1. El paradigma de la “fluidez de la vida” y la “adaptación enzimática”

Con el fin de explicar la dinámica y espontaneidad de la vida para responder adecuadamente a los desafíos del medio, Schoenheimer [68] postuló un modelo dinámico de moléculas de naturaleza proteica sometidas a un proceso constante de cambio y transformación en el citoplasma celular. Los trabajos de Borsook[69], permitieron demostrar, por medio del uso de marcadores radiactivos, que tanto en animales jóvenes como en adultos la tasa de recambio de proteínas corporales era muy alta, lo que permitía afirmar que esta actividad no era propia de una etapa transitoria del desarrollo, sino una característica fundamental de la vida.

La actividad celular se concebía como un recambio continuo de proteínas. La actividad de los genes se asimilaba a entidades que “dan órdenes” que se ejecutaban por un mecanismo desconocido. Según el paradigma de la adaptación enzimática, las enzimas no se fabricaban *ex nihilo*, ni a partir de sus elementos constitutivos, los aminoácidos, sino a partir de una “proteína” fundamental que podía moldearse por diferentes inductores para dar lugar a

la enzima necesaria. De acuerdo con este modelo, las enzimas eran proteínas que habían adquirido una forma específica y estaban dotadas de la propiedad de reconocer estereoespecíficamente (complementariedad “llave-cerradura”) las moléculas sobre las que actuaban. El gen no determinaría la estructura de las proteínas adaptables, sino que ésta estaría dada por las moléculas inductoras. Por tanto, dentro de esta óptica, un gen podría conducir a la producción de diferentes enzimas, según el inductor que hubiera entrado en contacto con la proteína plástica “primordial”. El gen se limitaría a permitir la fabricación de esta proteína. Hay que tener en cuenta que en esa época no había información sobre la estructura de las proteínas; solamente 18 años después, en 1958, Kendrew reportó la estructura tridimensional de la mioglobina.

Este modelo fluido encontraba apoyo empírico en la inducción experimental de anticuerpos en animales y en la “adaptación enzimática” en bacterias. De acuerdo con estas observaciones, los seres vivos parecían capaces de producir proteínas que podían interactuar específicamente con cualquier tipo de molécula que les fuera presentada. Esta concepción dinámica de la vida dejaba de lado los genes que, por el contrario, se transmitían sin modificación de generación en generación, y desde el núcleo celular daban órdenes que se cumplían por mecanismos desconocidos. Los genes se consideraban como inaccesibles y poseedores de una naturaleza química extraordinaria, presumiblemente proteica o nucleoproteica [70].

Afirmaba Bonner[71],

“uno debería esperar que los genes al igual que otras proteínas tuvieran configuraciones específicas y características propias de cada gen en particular. Estas consideraciones sugieren el punto de vista de que el gen controla las reacciones bioquímicas imponiendo directa o indirectamente una configuración específica a las enzimas necesarias para reacciones específicas”.

Es decir, al equiparar los genes con proteínas, se reconocía su función como portadores de información tridimensional.

En 1941, Beadle y Tatum formularon la hipótesis “un gen, una enzima”. Sin embargo, esta hipótesis no se concibió en su momento como una correlación que implicara una determinación sobre la secuencia de aminoácidos, pues para muchos bioquímicos este planteamiento no era sino la expresión de la actividad “heterocatalítica” de los genes que induce, mas no determina, la síntesis de la proteína correspondiente.

Posteriormente, se identifican dos corrientes de pensamiento respecto al problema de la biosíntesis de las proteínas. Una que postulaba un acoplamiento por pasos de numerosas unidades peptídicas pequeñas, y otra que postulaba la síntesis sobre moldes específicos para cada proteína y probablemente identificables con un gen. Pero como postulara Campbell[72], la idea de gen resultaba todavía muy abstracta y se consideraba equivocado tratarla de concretar en una molécula de ácido nucleico o de proteína.

2.2.2. Paradigma informático

En clara oposición al paradigma fluido catalítico, en el que se daba la instrucción y el moldeo de moléculas por medio de las interacciones estereoespecíficas, se impuso el moderno concepto de información¹. El concepto de información recuerda la causa formal aristotélica, aunque tal como se presenta en la formulación propia de la biología molecular aparece subordinada a las causas material y eficiente.

Shannon describe un flujo unidireccional de la información: Fuente \rightarrow Canal \rightarrow Receptor (véase figura 1.5). En esta perspectiva, un mensaje corresponde a una combinatoria particular de símbolos seleccionada entre todas las alternativas posibles. Para Shannon el receptor es el observador humano, que calcula las probabilidades para identificar un mensaje determinado, mientras que en el caso del dogma central, tanto la fuente como el receptor corresponden a sistemas físicos naturales presentes en los organismos.

Según Shannon, no hay información calculable para un mensaje aislado, sino en relación con los mensajes posibles. Por tanto, cualquier estructura material podría compararse con un mensaje, puesto que la naturaleza y posición de sus componentes (átomos, moléculas) sería el resultado de la selección hecha sobre las alternativas combinatoriales posibles. De acuerdo con las consideraciones anteriores, en 1949 Norbert Wiener consideró que no existía ningún obstáculo para concebir a los organismos como mensajes informáticos, en la medida en que cada clase representa un arreglo particular de un conjunto de unidades estructurales. Pero quien realmente abonó el terreno para la adopción moderna del concepto de información fue Schrödinger[73] al plantear la noción del “cristal aperiódico”.

Schrödinger[73] propuso la existencia de macromoléculas para poder explicar el orden en la naturaleza viviente. Las macromoléculas, o agregados constituidos por un número muy alto de átomos, anularían estadísticamente las fluctuaciones aleatorias. Por medio de cálculos sobre cuál debería ser el

¹Etimológicamente, información significa poner o dar la forma, igualmente se utiliza en el sentido de comunicar una idea o representar un estado del conocimiento.

mínimo número de átomos requeridos en el organismo viviente más pequeño, y a partir de consideraciones estadísticas, argumentó que no podían existir formas de organización menores de 10^9 átomos, puesto que para tener un comportamiento determinista se necesita reducir el margen de fluctuaciones². Este orden y estabilidad de las macromoléculas se vería reflejado en el orden y estabilidad de los organismos. Schrödinger afirma que la estabilidad de estas moléculas explica la permanencia de un mismo rasgo a lo largo de sucesivas generaciones, por ejemplo el labio de los Habsburgo. A partir del hecho de que la acción de los rayos X puede inducir mutantes en *Drosophila*, deduce la existencia de un código en miniatura a escala molecular, puesto que los rayos X por su longitud de onda son los únicos capaces de penetrar los espacios interatómicos, presentándose el fenómeno de la difracción. La mutación se explica por cambios de la estructura molecular. En consecuencia, sin preocuparse por la naturaleza química de estas entidades, propone que las fibras de los cromosomas poseen la naturaleza de un cristal aperiódico, en el que el arreglo unidimensional de secuencias o series de símbolos sin repetición, sería el fundamento de la codificación de las distintas formas posibles.

Esta indagación concluye con la propuesta de codificación a nivel molecular en forma de cristales aperiódicos o polímeros sólidos. Esta secuencia no monótona de motivos permite una alta capacidad de registro, que incluye cada uno de los caracteres desplegados por los organismos, además del plan de construcción, regulación y control. Las formas de los organismos corresponderían a permutaciones de símbolos en una secuencia lineal. El mensaje estaría codificado linealmente, aunque el cristal aperiódico se reproduce en cada una de las tres dimensiones. De esta manera, Schrödinger responde la inquietud de Buffon acerca de la dificultad de reproducir formas tridimensionales, puesto que éstas estarían determinadas por secuencias lineales de símbolos que pueden replicarse con fidelidad y al menor costo energético. Los genes no imprimen directamente las formas tridimensionales a las proteínas, sino que los cromosomas llevan en forma codificada el registro de todo el patrón estructural del organismo. No se establece todavía una distinción tajante entre moléculas informativas y catalíticas, puesto que los genes, además de llevar información, desempeñan la función de constructores o agentes ejecutivos que reproducen el plan estructural.

²Las leyes físicas son leyes estadísticas e inexactas dentro de un error relativo del orden $\frac{1}{\sqrt{n}}$, donde n es el número de moléculas que participan en la definición de la ley. En consecuencia, un organismo debe tener una estructura comparativamente grande para poder beneficiarse de leyes relativamente exactas, tanto para su funcionamiento interior como para las relaciones con el mundo exterior.

La estabilidad a lo largo de las generaciones está garantizada por el programa genético o *Bauplan* en miniatura, generado por la interacción entre todas las macromoléculas funcionales. De esta manera, el todo es el resultado de la acción de las partes, y lo pequeño y particular puede contener la representación de lo grande y general.

Por otra parte, el grupo del fago, instaurado por Max Delbruck en 1938, se había propuesto estudiar un sistema experimental que permitiera observar y medir la transmisión del mínimo de información genética concebible. Para ello escogieron partículas virales infectivas de la bacteria *Escherichia coli*. Se trataba de la reproducción *in vitro* de un fenómeno vital, sin recurrir a la destrucción del sistema para analizar sus componentes por separado. Este programa de investigación abrió el paso a experimentos como el de Hersey-Chase (1952), entre muchos otros. Estos autores mostraron, por medio del marcaje radiactivo de fagos T2, que durante el proceso infectivo solamente el DNA entraba a la bacteria y que, por consiguiente, esta molécula llevaba la información necesaria para guiar la producción de la nueva progenie; es decir, la información debería estar contenida en el DNA, a pesar de que la bioquímica, no sin argumentos, había privilegiado un vitalismo enzimático e inducido a pensar que las moléculas informacionales pudieran ser de naturaleza proteica.

Luria y Delbruck (1943) cultivaron bacterias en presencia de fagos letales y sin ellos, y encontraron que estadísticamente se presenta la misma distribución fluctuante de mutantes resistentes y no resistentes. Este resultado permitió concluir que las mutaciones ocurren de manera espontánea, al azar, independientemente de una inducción externa. Sólo sobreviven aquellos mutantes que por azar se adaptaron a las condiciones externas de selección.

2.2.3. El dogma central

A finales de la década de los 50's, la bioquímica había concentrado su esfuerzo en los estudios de estructura molecular por cristalografía y difracción de rayos X, que dieron lugar a modelos como el de la triple hélice del colágeno, desarrollado por Pauling. La doble hélice de Watson-Crick fue el resultado de una búsqueda por diferentes caminos, que fueron convergiendo en torno a una preocupación de tipo biológico; es decir, alrededor de la necesidad de generar un modelo que explicara la reproducción fiel y de este modo esbozar las bases moleculares de la estabilidad y continuidad de la vida a lo largo de generaciones.

El dogma central de la biología molecular se enunció en términos de la teoría de la información de Shannon, identificando al DNA con la fuente

del flujo informativo que va hacia el receptor donde la información captada esta representada por la secuencia de aminoácidos en las proteínas [74] (véase figura 2.1).

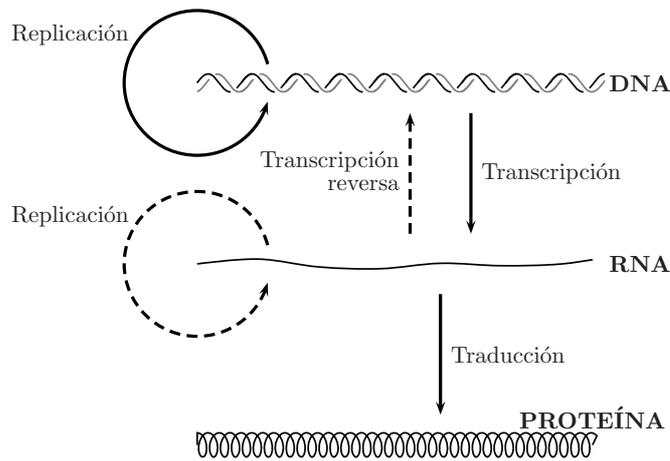


FIGURA 2.1. Dogma central. Unidireccionalidad en la vía de transcripción y traducción [75].

El concepto moderno de especificidad de secuencia fue expresado por Crick cuando planteó formalmente el dogma central. El dogma provee una explicación de:

- a. Cómo se determina la especificidad de una secuencia de DNA por medio de la replicación.
- b. Cómo la especificidad se transfiere del DNA a las proteínas por medio de traducción.

De acuerdo con esta formulación, la especificidad de una pieza de ácidos nucleicos está dada únicamente por la secuencia de sus bases, que constituye un código de la secuencia de aminoácidos de una proteína en particular: “La información va del DNA a las proteínas y no puede ir en dirección reversa” [76].

En este contexto, el término información significa la determinación precisa de la secuencia de bases en los ácidos nucleicos, y por consiguiente, de la secuencia de aminoácidos en las proteínas. Con esta formulación, la idea de información de Shannon sufrió una transformación radical, despojándose

de toda actividad cognitiva por parte de un sujeto externo y reduciéndose a una idea sustancialista que la identifica con el DNA. Desde este momento, el DNA (sustancia) y el programa (información o forma en potencia) se han venido tratando como si fuesen lo mismo.

2.2.4. Monod y la Consolidación del Dogma Central

La propuesta de Monod surgió como reacción al paradigma de la adaptación enzimática [77]. Cuando se cultivan bacterias en presencia de un tipo de azúcar como fuente energética, y se transfieren a un medio que contiene otro distinto, pasan por un periodo estacionario antes de continuar el crecimiento. Se postulaba que durante este lapso de tiempo tenía lugar la adaptación enzimática, o el proceso de la adecuación de las enzimas para degradar el nuevo sustrato. La hipótesis de la modificación de las enzimas preexistentes, de acuerdo con el nuevo sustrato, tenía una connotación finalista que Monod se propuso eliminar como principio explicativo. Monod demostró experimentalmente que durante el periodo de adaptación de las bacterias a diferentes tipos de azúcares, no había modificación de enzimas preexistentes, sino que tenía lugar un proceso de síntesis de proteínas nuevas. Esta demostración significó una verdadera revolución dentro de la bioquímica [78]. Una vez aceptado que las enzimas requeridas se sintetizaban *de novo* sin tener que recurrir a moldes inductores, quedó abierta la pregunta ¿qué pasa con el inductor? Si no actúa como molde de la enzima, ¿cómo funciona? Monod afirmó que el inductor se limita a interactuar con las proteínas represoras que permiten la expresión de genes específicos para las diferentes enzimas.

Los bioquímicos aceptaron rápidamente la idea de que los genes se expresan independientemente de la presencia de sustancias sobre las cuales actúan sus productos de expresión. En el desarrollo de esta idea fue notoria la influencia de Burnet[79], quien había explicado la producción de anticuerpos como un proceso de selección y no de inducción, al plantear que ellos adoptan su estructura independientemente de las sustancias que inducen su fabricación. En 1960, Monod rechazó de manera vehemente la adaptación enzimática para proponer la selección sobre variantes aleatorias. Más tarde, Jacob[80] propuso la existencia de genes reguladores, es decir, genes independientes que codifican las proteínas represoras que interactúan con el inductor, para permitir o no la expresión del gen bajo control. La activación sería ejercida independientemente por supresión de una inhibición. La molécula reguladora simplemente prende o apaga un sistema preestablecido genéticamente, según esté o no en contacto con el inductor [81]. Se observó que moléculas de lactosa modificadas (tiogalactósidos) actuaban

como inductores efectivos para la producción de la β -galactosidasa, con la sorpresa de que la enzima inducida no degradaba esta molécula. De esta manera la bacteria *Escherichia coli* se deja engañar y, al no tener manera de “corregir su error”, muere. En otras palabras las bacterias no responden adaptativamente a los inductores (véase figura 2.2).

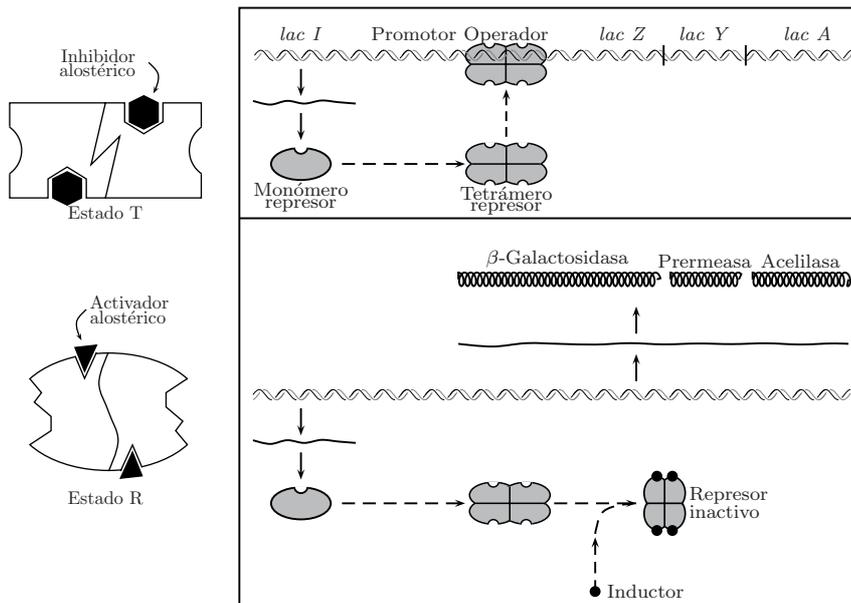


FIGURA 2.2. Operon lactosa. Se muestran los genes con sus respectivas regiones de control. Las proteínas represoras deciden sobre la activación o no de la expresión genética dependiendo de su estado alostérico. La alternancia entre estados alostéricos depende de la presencia o no de inductores [75].

Monod concluyó su trabajo con la presentación de la idea de alosteria, que consiste en modificaciones tridimensionales que pueden sufrir las proteínas represoras y que definen los estados “prendido” o “apagado”, para la expresión de genes. Por medio de estas proteínas las células ajustan sus respuestas a los estados del entorno. La complementariedad estereoespecífica entre proteína y molécula inductora o represora, decide la expresión génica: es decir, las interacciones tridimensionales, a pesar de no ser instructivas, son imprescindibles para entender el funcionamiento celular.

2.2.5. Reacciones contra la propuesta de Monod

Koshland reaccionó en contra de la idea de las respuestas no adaptativas, proponiendo que la complementariedad estereoespecífica de una enzima por su sustrato se alcanzaba mediante un proceso de inducción en la interacción recíproca entre las dos moléculas. Los sustratos inducen en las proteínas el arreglo tridimensional requerido para cumplir la función; en otras palabras, la enzima es flexible (véase figura 2.3).

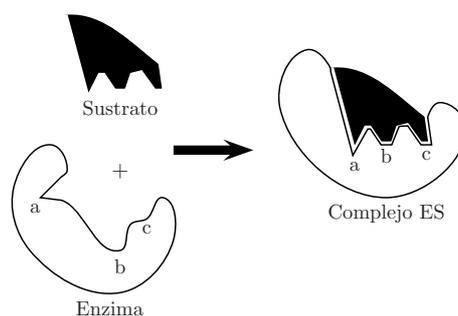


FIGURA 2.3. Complementariedad llave-cerradura, inducida de Koshland. Las formas estereoespecíficas que dan la complementariedad se producen gracias a la interacción recíproca entre las moléculas.

Monod y Jacob describieron el operon lactosa de *Escherichia coli* (véase figura 2.2). La organización, que se evidencia al tener bajo un mismo sistema (operón) genes reguladores y estructurales, difícilmente pudo alcanzarse por acumulación de mutaciones independientes y azarosas sobre el DNA, expresando más bien una serie de nuevos arreglos internos del genoma sometidos a un proceso de constante evaluación. Para producir una estructura funcional en la que participan varios genes, se requiere un concierto armónico, regulado, coordinado y coherente de mutaciones, puesto que no podemos mantener una mutación aislada A durante numerosas generaciones hasta que aparezca la mutación B en el mismo linaje, y así con C y D. Cada mutación independiente podría eliminarse antes de que pudiera coordinarse con las otras. No obstante, si las mutaciones se hubieran mantenido silenciosas hasta la aparición de las otras, éstas no habrían sido seleccionadas y, si se expresaran antes de que aparecieran las otras, conducirían a anomalías o características no seleccionables por no representar ventajas en ese momento. ¿Cómo explicar estos procesos sin asumir que las mutaciones son interdependientes dentro del organismo, el cual se comporta como un todo funcional y no como un mosaico de elementos independientes? [82].

El pensamiento mecanicista fue incapaz de ver que las mutaciones génicas son insuficientes para explicar el proceso evolutivo, que requiere ganancia informacional y cambios simultáneos y coordinados de sus componentes.

El espectro de mutaciones puntuales independientes sólo refleja las fluctuaciones propias del sistema que confieren estabilidad en entornos cambiantes. Posteriormente, los neutralistas plantearon la idea de que la gran mayoría de las mutaciones son incapaces de conferir algún tipo de ventaja adaptativa [83].

Pese a las objeciones señaladas, el mecanicismo molecular fue aceptado rápidamente por la comunidad científica, y se transformó en el marco de referencia oficial. Se trata del azar microscópico, absoluto en la génesis de las estructuras, que sirve para legitimar; gracias a la necesidad impuesta por la selección, un determinismo rígido a nivel macroscópico, manifiesto en el funcionamiento de los niveles superiores de organización. La razón newtoniana parece haber conquistado la base molecular de la vida. El determinismo entra en consonancia con la racionalidad manipuladora de la ciencia, que a su vez se refuerza con la ingeniería genética y la biotecnología, pues ¿cómo podríamos siquiera pretender manipular un ser vivo, o un gen, si no lo concebimos como sujeto a restricciones deterministas claramente definibles?

Además, el mecanicismo no incluye una propuesta sobre cómo se genera o produce el azar; cualquier propuesta que pretenda ir más allá debe ofrecer una explicación en este sentido. Polanyi[84] señala que en una máquina hay condiciones de frontera que imponen restricciones a las leyes físicas a fin de dirigirlas hacia la ejecución del propósito para el cual fue diseñada. Este aspecto, que explicaría la pretendida irreducibilidad del proceso vital a leyes físicas y químicas, se tratará en detalle cuando se haga referencia al aspecto semiótico inherente a los procesos de codificación biológica. Por ahora, baste decir que los procesos biológicos no van en contra de las leyes físicas y químicas sino que son expresión de su más estricto cumplimiento. Diferentes permutaciones de elementos a lo largo de una cadena codante pueden conllevar diversos significados o funciones, manteniendo intactas las interacciones que determinan la fidelidad de la replicación del molde unidimensional.

2.2.6. Las enzimas como demonios de Maxwell

Así como el DNA pasó a verse como el depositario y la fuente principal de la información, el entendimiento de la acción enzimática pasó por su comparación con los demonios de Maxwell [85]. Estos hipotéticos seres inteligentes, serían los únicos agentes capaces de producir orden en un sistema en equilibrio, por medio del uso de la información que les permite distinguir

las partículas “calientes” de las “frías”. De modo análogo, el orden característico de los intercambios de energía y materia en la célula depende de la exactitud de las operaciones ejecutadas por las enzimas que discriminan una especie molecular definida, abriendo así las compuertas de una reacción determinada.

“Son proteínas, en consecuencia, las que canalizan la actividad de la máquina química, aseguran la coherencia de su funcionamiento y la construyen. Todas estas *performances* reposan en último lugar sobre las propiedades llamadas estereoespecíficas, es decir, su capacidad de reconocer a otras moléculas según su forma, que está determinada por su estructura molecular. Se trata, literalmente, de una propiedad discriminativa (cognitiva) microscópica” [2].

En consecuencia, las enzimas disminuyen la entropía local y contrarrestan la tendencia hacia el desorden. Para poder actuar como demonios de Maxwell, las enzimas deben poseer motivos sensores que les permitan unirse transitoriamente a moléculas inductoras o represoras, y sitios activos que les permitan desempeñarse como agentes catalíticos. El énfasis en el dogma central ha impedido el desarrollo de esta otra analogía que llevaría al entendimiento de la actividad catalítica como prioritaria y anterior a la codificación genética. A partir del descubrimiento de los fenómenos de autoorganización la actividad cognitiva y discriminativa anticipada por Monod comenzó a ser tenida en cuenta. Los desarrollos más recientes incluyen el trabajo de Otsuka y Nozawa [86] sobre sistemas catalíticos basados en RNA. Si las enzimas son demonios de Maxwell entonces deben actuar como agentes de medición en el sentido de los IGUS de Zurek. Según Patte[87] existen pocas dudas de que las enzimas son realmente agentes de medición y que las moléculas individuales conforman los mecanismos más simples de control celular. La función esencial de las enzimas es establecer un acoplamiento entre una interacción ó medición y una instancia de regulación, es decir una regla estadística que asocia el reconocimiento de un sustrato a un control catalítico específico. Para la enzima este acoplamiento es estrictamente local tanto en sentido espacial como temporal. La enzima funciona dinámicamente como una molécula reguladora y su descripción genética contiene únicamente la información simbólica suficiente para construir la secuencia lineal de sus residuos de amino ácidos. Mas aún la enzima debe ligarse a un sustrato antes de catalizar una reacción y este reconocimiento del sustrato es de por sí una forma de medición. Las restricciones complejas del proceso de plegamiento proteico son las responsables del ajuste estereoespecífico que caracteriza el reconocimiento del sustrato por la enzima y que da cuenta de la actividad reguladora catalítica. Los controles biológicos no dependen de la medición

de observables simples sino que utilizan reconocimientos de patrones muy complejos basados en un conjunto de interacciones coherentes como las que regulan el plegamiento proteico, el ajuste estereoespecifico, la catálisis, el autoensamblaje y las redes de control. La actividad enzimática es la responsable de la estabilidad y continuidad del sistema en su conjunto. Si los agentes descriptores internos dejan de actuar la empresa descriptiva en su conjunto colapsaría. Mas aún, la actividad enzimática es generativa en el sentido de que se equipara con el agente causal del proceso de desarrollo que se dispara en el huevo, Matsuno[88]. El hecho de que las enzimas estén codificadas genéticamente no impide su participación en los procesos generadores de variación genética, por ejemplo la fidelidad de la replicación esta asociada a las diferentes tasas mutacionales observadas. La codificación genética se hizo necesaria para impedir la producción de enzimas poco ajustadas por síntesis *de novo*. Por esta razón, la codificación en el DNA se convirtió en el medio preferido para evitar el efecto dañino asociado a la medición interna y el origen de las mutaciones se podría interpretar como consecuencias de la disipación entrópica o borrado parcial de los registros producido a consecuencia de las enzimas de replicación que ejecutan tareas altamente especificas.

2.2.7. Críticas al dogma central

Cuando Crick enunció el dogma central, reconoció que estaba haciendo explícito lo que muchos científicos ya creían [74]. Sin embargo, algunos disidentes expresaron que la fórmula “DNA \rightarrow RNA \rightarrow proteínas” no describía adecuadamente el flujo de información en los sistemas biológicos [89]. La validez del dogma fue cuestionada por Commoner[90], quien afirmó que las diferencias en el contexto bioquímico de la traducción pueden generar resultados biológicamente distinguibles. En oposición al concepto de transmisión lineal, sostiene que los sistemas que gobiernan la especificidad de la síntesis proteica son fundamentalmente circulares. El mejor ejemplo para ilustrar las limitaciones del dogma central son los priones tipo virus scrapie, que no contienen ácidos nucleicos, y que por tanto permiten pensar en la transformación genética de células mediante la introducción de un agente diferente a los ácidos nucleicos.

Cualquier cambio en especificidad funcional puede ser identificado en el molde, siempre y cuando se acepte que la maquinaria de transcripción y traducción trabaja en condiciones normales. Sin embargo, queda sin definir ¿cuáles son las condiciones normales en que debe operar la célula para que la secuencia transcrita y traducida corresponda a la dada por el molde? [91].

Por otra parte, a partir del dogma central se dedujo que la forma de los organismos podía explicarse por medio de la funcionalidad del programa genético inscrito en el DNA, evitando así el problema de definir la relación entre el DNA y el programa. En este planteamiento no se dice nada acerca de la lógica del programa y menos aun acerca del sujeto para quien el programa tiene sentido. La metáfora del programa o de la información desvió la atención de lo morfológico hacia el nivel molecular; en lugar de mirar a los organismos, se pasó a examinar su descripción codificada en el DNA. La flexibilidad evolutiva del DNA (programa genético) se ve como el fundamento de la flexibilidad evolutiva de los organismos. La identificación de sustancia y forma en los niveles más básicos explica por qué se pretende derivar la función de la forma de las estructuras biológicas. La información biológica no es idéntica a los genes o al DNA, aunque depende de ellos, es decir, de la manera como la sustancia se organiza.

2.2.8. Dogma central y códigos

Al igual que el código binario con extensión de orden 5 (ver apéndice A), el código genético es redundante. La fuente puede utilizar cualquiera de los sinónimos para una recepción correcta; no obstante, en caso de haber utilizado el código menos protegido, un error sería suficiente para provocar una lectura incorrecta. Los alfabetos A y B del ejemplo (ver apéndice A) no son biyectivos dado que hay 32 palabras en A y 4 en B. Es decir, una vez decodificado no se puede saber cuál de las palabras de la fuente fue la que se emitió en realidad. Los alfabetos A y B no son isomórficos. Un código de esta naturaleza no es reversible. Todos los códigos cuyos espacios de probabilidad no son isomórficos cumplen el dogma central. Hay más información en el DNA que la que se traduce a proteínas. Hay información que se elimina en la transmisión del mRNA a la proteína. La pérdida de información hace la operación irreversible. Es imposible, por ejemplo, reconstruir la lectura de cada dado si solamente sabemos la suma del resultado de ambas caras (véase tabla 2.1).

Del mismo modo, no es posible reconstruir la secuencia del mRNA a partir de la proteína. Shannon mostró, en su teorema sobre la capacidad del canal, que un mensaje puede ser transmitido con una frecuencia relativamente baja de error solamente si se incluye suficiente redundancia en el código para corregir la información descartada por ruido. Aunque para muchos el dogma central pertenece únicamente a la biología molecular, en realidad corresponde a una propiedad de cualquier tipo de códigos en que el alfabeto de la fuente es más amplio que el alfabeto del receptor. En otras

palabras, el dogma central es una propiedad fundamental que se aplica a cualquier sistema de comunicación en que la entropía de la fuente es mayor que la del receptor.

TABLA 2.1. Valor total obtenido por un par de dados y valores mostrados por cada cara

D1	D2	Total
1	1	2
1	2	3
2	1	3
2	2	4
3	1	4
1	3	4
4	1	5
1	4	5
2	3	5
3	2	5
1	5	6
5	1	6
4	2	6
2	4	6
3	3	6
1	6	7
6	1	7
2	5	7
5	2	7
3	4	7
7	3	7

D1	D2	Total
2	6	8
6	2	8
3	5	8
5	3	8
4	4	8
3	6	9
6	3	9
4	5	9
5	4	9
4	6	10
6	4	10
5	5	10
5	6	11
6	5	11
6	6	12

2.2.9. El sistema de comunicación DNA - mRNA - proteínas

La decodificación del mensaje del alfabeto DNA al del mRNA se denomina transcripción. El mRNA hace el papel de canal que comunica el mensaje genético a los ribosomas o dispositivos decodificadores. En cualquiera de estas etapas (replicación del DNA, y transcripción) pueden ocurrir perturbaciones aleatorias que introducen mutaciones puntuales que afectan la lectura del mRNA. Este ruido genético se corrige en los procesos de reparación del DNA y durante la corrección de lectura en el proceso de aminoacilación del

tRNA. El mensaje genético se decodifica en los ribosomas pasando de un alfabeto de 64 codones en el mRNA a uno de 20 en las proteínas. Esta segunda decodificación se denomina traducción. De esta manera, el mensaje unidimensional en el DNA se transforma en la secuencia de aminoácidos que al plegarse da lugar a una forma activa tridimensional. La dirección del flujo de información está gobernada por la entropía de los alfabetos involucrados en la codificación y la decodificación. En el caso del retrovirus tanto el alfabeto del DNA como el del mRNA tienen la misma entropía y por lo tanto el flujo va en ambas direcciones.

2.3. De la información digital a la analógica y viceversa

2.3.1. El DNA: modelo de información digital

El DNA es un polímero constituido por cuatro subunidades; cada mensaje (codificado digitalmente) corresponde a una secuencia determinada de nucleótidos. En este sentido, el DNA, a causa de la diversidad de arreglos o secuencias posibles, puede inequívocamente ser equiparado con la fuente de información. El dogma central sobre la unidireccionalidad del flujo informático del DNA a las proteínas, permitió redefinir y encuadrar todas las descripciones moleculares de lo viviente. Sin embargo, los biólogos moleculares han evitado la discusión sobre el concepto de información desde el momento en que éste se convirtió en su axioma central. La biología molecular está fundamentada en una idea muy limitada sobre la relación entre sustancia (DNA) e información, y el dogma central ha contribuido a oscurecer el carácter esencial de la dinámica informacional en los sistemas bioquímicos.

Si de acuerdo con Shannon, consideramos al observador humano como el receptor de la información, podemos constatar que es muy poco lo que se aprende de las estimaciones cuantitativas en bits, correspondiente a un fragmento de DNA. El tratamiento cuantitativo es completamente inútil, puesto que dos secuencias que tengan el mismo número de nucleótidos tendrán la misma probabilidad de ser identificadas independientemente de su función. El aporte más importante del dogma central fue reconocer que en los sistemas vivientes hay moléculas que generan información, otras que la transmiten y, finalmente, un sistema molecular de recepción que las traduce. Este proceso ocurre independientemente de cualquier observador humano. Si el referente de la información es el mismo sistema viviente resulta más interesante, de acuerdo con la lógica “DNA = información”, investigar cuáles son

los genes que corresponden a determinados mensajes, referidos en términos de la función o actividad biológica que cumplen. Es decir, la biología molecular siempre ha reivindicado el aspecto cualitativo funcional, relacionado con el uso de la información por parte de los organismos. Correspondió pues a los biólogos moleculares preservar la idea del contexto bioquímico celular para el entendimiento de la naturaleza de los contenidos informativos, en contraposición a la concepción de trabajar una idea cuantitativa y descontextualizada de la información, tal como sugiere la propuesta de Shannon.

Aunque el concepto de información pasó de la física a la biología, no quiere decir que cuando los físicos y biólogos hablan de información se estén refiriendo a lo mismo. Los físicos trabajan el nivel cuantitativo (aspecto digital de la información) sin ninguna conexión con el valor o relevancia de la información, mientras que los biólogos la trabajan de un modo pragmático y cualitativo en función de la utilidad que presta para la supervivencia (aspecto analógico de la información). El valor de la información biológica es dependiente de su contexto. Además, mientras para Shannon la información tiene que ver con las elecciones hechas por un observador externo, para los biólogos es simplemente una estructura molecular propia del sistema biológico.

El DNA no contiene la clave de su propia interpretación. La célula organizada posee la clave que permite interpretar el DNA; por ejemplo, en el caso de los organismos con reproducción sexual, solamente el huevo fecundado sabe cómo utilizar el texto para construir un organismo. Por otra parte, podemos afirmar que el DNA no se autorreplica sino que es replicado por una enorme maquinaria proteica en el concierto del entorno celular.

2.3.2. Espacios de secuencias

Hoy en día, la biotecnología basada en los procesos de selección *in vitro* ha incorporado el aspecto cuantitativo de la teoría de la información, sin tener que renunciar a las consideraciones funcionales.

Los espacios de secuencias representan las secuencias posibles de ácidos nucleicos en un espacio N dimensional, donde a cada una corresponde un punto definido por tantas coordenadas como número de símbolos tenga la secuencia. Cada punto está conectado a N puntos que representan los posibles mutantes que pueden obtenerse a partir de una sola sustitución. El número de líneas, que conectan dos puntos cualesquiera, corresponde a la distancia o número de mutaciones puntuales necesarias para obtener una secuencia a partir de otra. Todas las secuencias accesibles por una mutación corresponden a los N puntos que están conectados por una línea. Esta idea

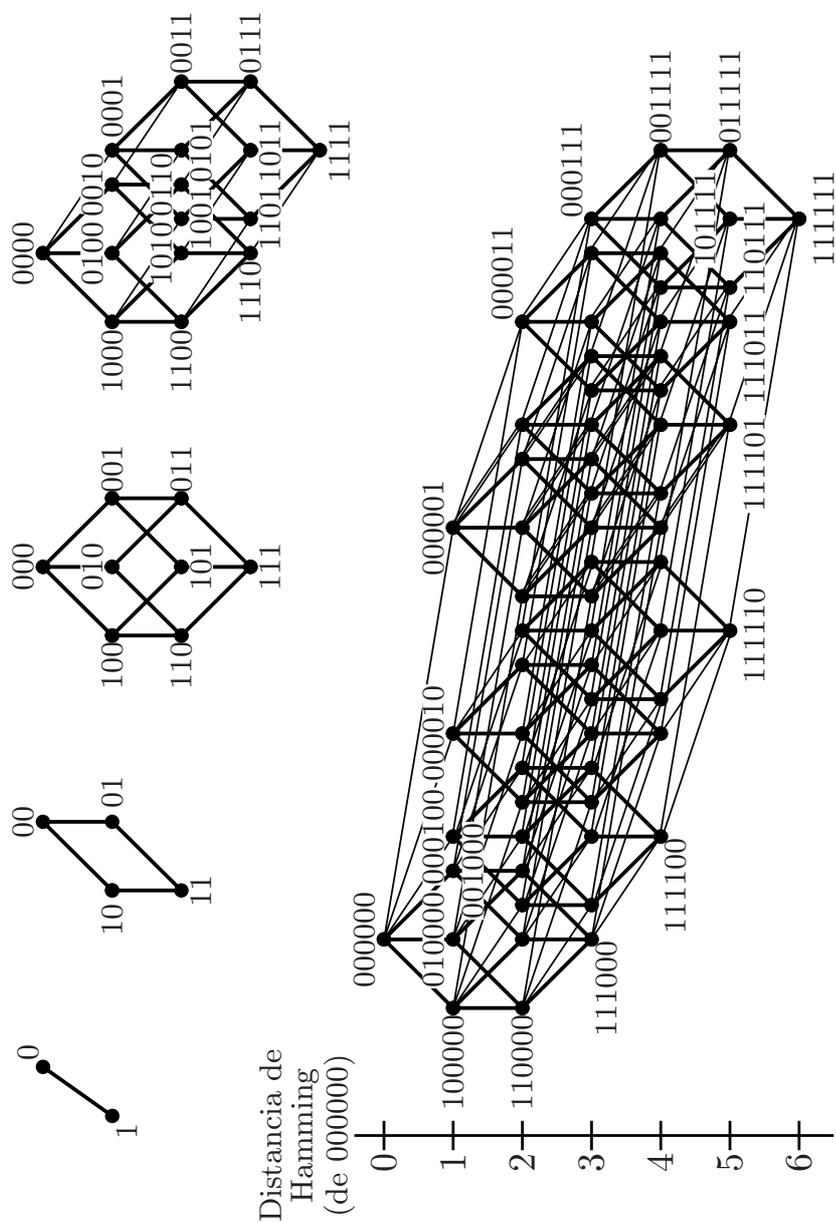


FIGURA 2.4. Hipercubos y espacios de secuencia de dimensiones 1, 2, 3, 4 y 6. El número de vértices en el hipercubo es de 2^n . Las líneas que conectan los vértices representan los caminos mutacionales. En el espacio de secuencia, a cada vértice corresponde una secuencia específica con un valor selectivo determinado [92].

fue desarrollada por Richard Hamming a partir de la teoría de la información, y la posibilidad de aplicarla al trabajo con ácidos nucleicos fue sugerida por primera vez, por Maynard Smith [92].

Características de estos hipercubos:

- a. Capacidad enorme que crece exponencialmente con el número de posiciones en la secuencia; cada nueva posición duplica el cubo, si representamos las secuencias en código binario. El conjunto de todas las secuencias binarias de 360 símbolos equivale al número de átomos de hidrógeno necesarios para llenar el universo = 10^{108} .
- b. A pesar de las dimensiones astronómicas de los hipercubos, la distancia entre dos secuencias cualesquiera nunca sobrepasa la dimensión del cubo.
- c. Cada línea representa un proceso mutacional y las trayectorias que pueden presentarse son infinitas.
- d. La evolución de las formas de vida corresponde a cambios mínimos graduales, o a saltos mutacionales, en el espacio de secuencias. Así, el proceso evolutivo puede describirse por una trayectoria en el espacio.
- e. La ruta está definida en gran medida por la estructura del paisaje adaptativo. Es decir, aunque en principio todas las secuencias son igualmente probables, no todas se presentan con igual frecuencia, y el universo de las realmente existentes corresponde apenas a una fracción astronómicamente pequeña de todo el universo de posibilidades (véase figura 2.4).

El razonamiento aplicable a la biotecnología es el siguiente: si la biosfera a lo largo de la evolución apenas ha explorado una mínima fracción de las secuencias nucleotídicas posibles, ¿no sería posible diseñar una estrategia que nos permitiera explorar el espacio virtual de las posibles a fin de encontrar moléculas cuya actividad biológica, química o farmacéutica sea de interés? Se trata de la recuperación de nociones cuantitativas propias de la teoría de la información, pero conservando la idea del significado y valor de la información referida a la utilidad del producto deseado.

No todas las secuencias posibles presentan la misma probabilidad de aparecer, sino que ésta corresponde a la altura de los picos adaptativos que se inferen a partir de las frecuencias con que ocurren, dadas ciertas condiciones de selección. Este hecho pone de presente que no todas las secuencias tienen el mismo valor, significado y funcionalidad en un contexto determinado. Al

someter las moléculas a procesos de replicación con error, que dan lugar a variación aleatoria y selección, la probabilidad de encontrar variantes alrededor de los picos adaptativos es mucho mayor que si la distribución de las variantes fuera totalmente aleatoria. Esto explica por qué los procesos reiterados de variación y selección aceleran la evolución en varios órdenes de magnitud. La recuperación del contexto está dada por la introducción de una condición de selección determinada, con miras a un uso pragmático de la información por parte de los biotecnólogos. Si en una primera etapa la biología molecular se alejó de los enfoques cuantitativos, hoy en día no puede prescindir de ellos al diseñar las estrategias de búsqueda de nuevas secuencias. De este modo, en el espacio creado por la biotecnología de selección *in vitro*, la biología molecular y la teoría de la información tienden a acercarse, puesto que en esta empresa es obvia la presencia del observador externo, o sea, del propio investigador.

2.3.3. Estructura de los lenguajes y semántica molecular

Los símbolos de la comunicación lingüística se definen sin ambigüedad. El número de letras es el resultado del ajuste entre las necesidades funcionales y los vocablos permitidos por la fonética. La interacción entre emisor y receptor depende del significado inequívoco entre los símbolos usados. La asignación de significados a las secuencias de símbolos es casi inequívoca; por ejemplo con cuarenta fonemas se pueden producir 1 600 combinaciones de dos fonemas, 64 000 de tres, 2 560 000 de cuatro, 102 400 000 de cinco, etc. Estas cifras, comparadas con las palabras de uso corriente, permiten concluir que los lenguajes utilizan únicamente una fracción mínima de las combinaciones posibles. A nivel estadístico, los lenguajes presentan un tipo de distribución característica denominada ZIPF, según la cual las palabras más cortas aparecen con una frecuencia más alta que las palabras largas.

Noam Chomsky propuso que, dejando de lado las idiosincrasias específicas de los lenguajes, la estructura de las frases y oraciones muestran paralelos que sugieren leyes universales aparentemente enraizadas en el cerebro humano. Chomsky fundamenta su gramática generativa en la aplicabilidad universal de un conjunto de reglas “internas”. Él distingue entre dos clases de reglas: generativas y transformacionales. Utilizando el esquema de un árbol de decisiones podemos dividir una frase en “nombre” y “verbo”. La frase “verbo” puede subdividirse en su “verbo” y “nombre” (complemento directo). Así, la estructura profunda de una frase se somete a un análisis o síntesis. Pero la estructura profunda de la oración solamente se hace evidente si aplicamos las reglas transformacionales. De este modo se puede observar

lo que corresponde a su estructura de “superficie”, propia de cada lenguaje en particular, y lo que corresponde a su estructura “profunda”, o pequeñas frases claves con sus reglas de construcción y transformación. Los marcadores de transformación son aquellos que se introducen por medio de los pronombres relativos, la voz pasiva, etc., (véase figura 2.5).

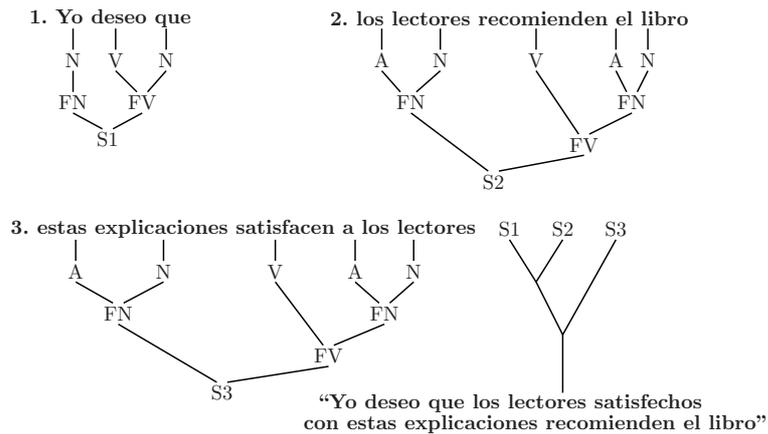


FIGURA 2.5. Transformación de una frase en tres frases básicas de acuerdo a Chomsky. “Deseo que los lectores satisfechos con estas explicaciones, recomienden la lectura del libro”. Frases básicas: 1. Estas explicaciones satisfacen a los lectores. 2. los lectores recomendarán la lectura de este libro. 3. Yo deseo. A=artículo. N=nombre. V=verbo. F=marcador de frase. FN=frase nombre. FV=frase verbo.

Es muy discutible que una formalización de este tipo refleje la realidad del lenguaje. El carácter de las leyes generales no permite explicar los eventos específicos. Hay límites a la lógica que impiden asignar un sentido inequívoco al lenguaje. Si queremos formular un lenguaje objetivo con unas relaciones definidas con precisión, necesitamos una semántica o un metalenguaje, y no habría límite a la jerarquía de lenguajes que se podrían construir de esta manera.

Para discutir los aspectos semánticos de un mensaje dentro del marco de la teoría de la información, cito el artículo original de Shannon:

“El problema fundamental de la comunicación es el de reproducir, exacta o aproximadamente, en un punto, un mensaje seleccionado en otro. Frecuentemente, los mensajes tienen significado, es decir, se refieren o están correlacionados de acuerdo con algún sistema con ciertas entidades físicas o conceptuales. Estos aspectos semánticos son irrelevantes al problema de la ingeniería. El aspecto significativo es que el mensaje actual es uno,

seleccionado de entre un conjunto de mensajes posibles. El sistema debe estar diseñado para operar en cada selección posible y no solamente para la que va a ser elegida, ya que ésta se desconoce en el momento del diseño" [93].

Si cambiamos la palabra ingeniería por biología molecular, la coincidencia con el dogma central se hace evidente. Sin embargo, al prescindir de los contextos también se dejan de lado los metalenguajes que explican la coherencia del lenguaje en cuestión.

Las moléculas "hablan" entre sí a nivel fenotípico utilizando un lenguaje objetivo orientado hacia criterios funcionales óptimos. El lenguaje molecular fenotípico presenta analogías con los lenguajes humanos. El lenguaje molecular utiliza un alfabeto cuyos símbolos son expresivos por sí mismos, como en los alfabetos de los lenguajes humanos y no como los alfabetos binarios. Este alfabeto consta de 20 símbolos (aminoácidos), cada uno de los cuales tiene una función química específica. Podemos equiparar este alfabeto proteico a los fonemas de nuestro lenguaje o a las letras del alfabeto. Las palabras corresponden a las funciones ejecutivas que las moléculas deben cumplir (transporte, regulación, inductor de reacciones etc.).

Al igual que las palabras de nuestro lenguaje, algunos símbolos aparecen juntos en unidades cooperativas. Los símbolos funcionalmente efectivos se encuentran dispersos a lo largo de la estructura primaria de las proteínas y adoptan configuraciones específicas en los centros activos. Cada una de estas moléculas representa una acción específica, y por esta razón es lícito decir, metafóricamente, que las enzimas son los verbos del lenguaje molecular. Todas las funciones en el organismo están coordinadas precisamente entre sí. El alfabeto de los ácidos nucleicos usa palabras o codones para cada letra del alfabeto proteico, por medio de una asignación libre de ambigüedad que refleja consideraciones de tipo económico en su construcción. El código genético utiliza un alfabeto de 4 símbolos que son leídos en tripletas (64) dando pie a una asignación con distintos grados de redundancia para los 20 aminoácidos. El repertorio de características fenotípicas es mucho más rico que lo que podrían proporcionar cadenas de DNA con un sólo par de bases. En este caso, con un sólo par de bases se producirían cadenas bastante homogéneas que darían lugar a 8 codones, reduciendo notablemente el número de asignaciones posibles. El código genético permite un repertorio muy amplio, con grados variables de estabilidad, respetando un principio de economía en la transmisión de la información.

La dualidad entre sintaxis y semántica evoca la distinción entre genotipo y fenotipo. La sintaxis corresponde al conjunto de reglas que gobiernan

la manipulación de los símbolos, mientras que la semántica está asociada a los significados que se atribuyen a estas series de símbolos. La semántica es abierta en cuanto nuevas significaciones pueden asignarse a diferentes permutaciones de símbolos, siempre y cuando respeten las restricciones impuestas por las leyes sintácticas. Es decir, la rigidez de estas reglas no impide la exploración de referentes externos o nuevos significados. Parece existir una dominancia de lo sintáctico sobre lo semántico, ya que en los lenguajes una vez estructurados estas reglas no cambian. Ocurre igual en los organismos, en donde la programación genética y las reglas de decodificación son invariantes. Sin embargo, a nivel de las instancias de interacción y acción catalítica, la iniciativa radica en el nivel semántico, así como a nivel fenotípico se especifican el tipo de relaciones que se establecen entre los organismos. Históricamente es indecible la prioridad de cualquiera de estas dos instancias, aunque sí podemos afirmar que antes de la congelación o definición de las reglas sintácticas de los lenguaje verbales articulados y de la estructura genética en los organismos, se dio —tanto a nivel del lenguaje onomatopéyico y gestual, como en el molecular prebiótico— una enorme adjudicación de significados. En ambos casos, las reglas sintácticas o genotípicas surgieron por la interiorización de contingencias que llevaron a la definición de las normas para la manipulación de símbolos. La supremacía de lo genético sobre lo fenotípico, ampliamente aceptada en biología, se explica como consecuencia de la dinámica (catalítica, fenotípica, ecológica, semántica) de los procesos locales y contingentes de asignación de referentes externos o especificación de los símbolos. Igualmente, a partir de estas dinámicas internalistas debe ser posible inferir los metalenguajes que dan la coherencia a los lenguajes.

2.4. Más allá del dogma central

En contra de la imagen difundida en textos de divulgación, no existe una relación simple entre los organismos y su mensaje genético. A partir de los años 70's se han descrito ampliamente una serie de fenómenos que, si bien ayudaron a articular el dogma central, también pusieron en evidencia la necesidad de ampliar el marco explicativo existente. Entre otros, podemos señalar los siguientes:

1. *RNA molécula informacional y catalítica.* A partir del descubrimiento de la actividad catalítica en el intron ribosomal de *Tetrahymena* [94], el RNA se convirtió en la molécula vedette, puesto que en ella convergen tanto el registro codificado digitalmente como la actividad efectora de los mensajes codificados. Este hecho dio amplio apoyo a

la hipótesis sobre un mundo RNA anterior a la aparición del DNA. Posteriormente, se describieron moléculas de RNA con actividad peptidil transferasa y aminoacilación, a la vez que se ha obtenido por selección *in vitro* ribozimas con diferentes actividades catalíticas y especificidades de sustrato [95]. En este mismo sentido, se ha descrito el papel enzimático que desempeñan las moléculas de RNA sobre enlaces fosfodiéster [96] y sobre enlaces aminoacil éster [97], atenuándose las diferencias entre moléculas informacionales y catalíticas. El dogma central no corresponde a la manera como pudo haberse dado el flujo informativo en la evolución prebiótica; de acuerdo con la propuesta de los hiperciclos catalíticos de Manfred Eigen[98], el RNA precedió al DNA como molécula genéticamente informativa. Sin embargo, no hay evidencia empírica de una replicación de RNA energéticamente eficiente y con suficiente grado de fidelidad, lo que constituye un serio cuestionamiento a la propuesta del “mundo RNA”. Pero la idea de la precedencia de lo catalítico sobre lo informático se fortalece.

2. *Flujo reverso de información genética.* Se han descrito procesos de transcripción reversa del RNA al DNA, que van desde la identificación de retrovirus hasta la definición de secuencias de inserción, retrotransposones, retrosecuencias y pseudogenes [99]. Estos fenómenos demuestran que el genoma es dinámico y está sometido a procesos de retroalimentación desde el exterior del núcleo.
3. *Replicación sin molde de RNA.* Spiegelman aisló un complejo enzimático que selectivamente replica RNA del bacteriofago $Q\beta$. El RNA de este fago tiene una secuencia y un patrón de identidad específicos que la enzima debe reconocer para poder copiar el RNA. Posteriormente, Sumper, sin necesidad de RNA molde y utilizando una enzima, produjo cadenas de RNA de secuencia definida. La $Q\beta$ replicasa reconoce pequeños segmentos de RNA que se van uniendo entre sí hasta crear un RNA molde. En esta síntesis de *novo* se genera una gran diversidad de cadenas de RNA que son replicadas por la enzima. A medida que la replicación prosigue, se seleccionan las variantes más eficientes, que corresponden al RNA molde del fago $Q\beta$ [41]. Más que una traducción reversa, sería un caso de variación y selección. Cambiando el medio se puede dirigir la evolución hacia la obtención de variantes moleculares más adaptadas a condiciones específicas, de modo que, por ciclos sucesivos de variación y selección se pueden producir moléculas funcionales a pedido, aplicables en procesos biotecnológicos. La opti-

mización de una función enzimática y la selección de los RNA mejor adaptados están sometidas a diferentes criterios. Este proceso podría inducir un acoplamiento entre RNA y proteínas, a la vez que todos los componentes se integran en un sistema autorreproducible que es objeto de selección. Los hiperciclos son modelos de este tipo. A medida que el mecanismo de traducción se perfeccionaba, se fue dando la separación gradual entre genotipo y fenotipo, tal como la concibe la biología molecular.

4. *Microgenes y divisibilidad del gen.* Los siguientes hechos conducen a la crítica del concepto de gen como unidad última de información genética y favorecen una redefinición del mismo como una estructura compleja compuesta por “microgenes” [100]: el descubrimiento de la naturaleza discontinua de los genes, la descripción de secuencias intrónicas no codantes intercaladas entre secuencias codantes o exones, los fenómenos de recombinación interna que son responsables del reordenamiento de los exones de acuerdo con configuraciones precisas [101, 102]. En consecuencia, el gen se ha reinterpretado como una estructura discontinua o evento fluido y complejo, en detrimento de la concepción estática e indivisible claramente delimitable por un fragmento de DNA.
5. *Recodificación y edición a nivel del RNA.* A nivel del RNA mensajero se da un proceso de decodificación del DNA, mediado por procesos alternativos de corte y empalme para eliminar las secuencias intrónicas, sean éstas producto de las mismas unidades de transcripción o de transcritos diferentes [103]. La descripción en el DNA no siempre corresponde a la secuencia de aminoácidos en las proteínas, dado que existen procesos dependientes del contexto, denominados reprogramación de la decodificación del DNA, especificados por una serie de instrucciones contenidas en la secuencia del RNA mensajero que dictan la manera como debe leerse, unas veces alterando el mecanismo de lectura lineal y otras cambiando el sentido de los codones [104]. Además, la actividad editora o correctora adiciona información no contenida en el DNA al RNA con el fin de hacerlo funcional, creando el codon de iniciación [105]. El RNA mensajero se ve como una instancia de toma de decisiones respecto a las correcciones de estilo que debe sufrir el texto, a la vez que puede desempeñarse como una instancia generativa de información.
6. *Segundo código genético.* Este código describe la dependencia del proceso de decodificación del DNA por medio del reconocimiento este-

reoespecífico, entre el RNA de transferencia y la aminoacil-sintetasa[106].

7. *Dinámica genómica*. El gen deja de ser una entidad estática para pasar a formar parte de un sistema dinámico con posibilidades de arreglo y movilización sorprendentes. Esta dinámica propia del genoma se manifiesta en fenómenos como inserciones, transposiciones, movilización de retroelementos, entrecruzamientos desiguales y conversión génica [107], transferencia génica lateral entre organelos [108], intra e interespecífica [109].
8. *DNA silencioso*. Se ha formulado la llamada paradoja del valor C, según la cual el contenido de DNA en las distintas especies no se correlaciona con la clasificación taxonómica, ni con la posición filogenética; es otro caso de la falta de correspondencia entre la organización a nivel genético y la dada por la complejidad orgánica [75]. Esta observación se explica en parte por la presencia de DNA silencioso, constituido principalmente por secuencias altamente repetitivas que representan una gran proporción del contenido de DNA total [110].
9. *RNA funcionales*. La regulación del desarrollo está mediada por los genes homeóticos, cuyos productos de transcripción son responsables de la actividad funcional detectada por medio de mutaciones puntuales que pueden conducir a cambios en el plan de estructura corporal [111].
10. *Factores proteicos de transcripción*. La coordinación de los genes de regulación se da gracias a una sofisticada red informática mediada por diversos factores de transcripción, a través de la cual “los genes hablan entre sí” [112].
11. *Proteínas acompañantes*. Las instrucciones sobre cómo se pliegan las cadenas de aminoácidos no están especificadas completamente en el DNA, sino en las proteínas “chaperonas” que son imprescindibles para la determinación correcta de la estructura tridimensional de las proteínas que acompañan. En otras palabras, la información para la adquisición de la estructura tridimensional específica no está contenida totalmente en la secuencia de aminoácidos, sino que requiere un proceso asistido por otra proteína que interactúa con la proteína en cuestión durante su síntesis [113]. Además, en el DNA tampoco está especificado cómo deben ensamblarse las diversas proteínas para generar la arquitectura de las células, ni la especificación de las etapas de la división celular, ni la diferenciación y migración en el tejido del embrión en desarrollo.

12. *Priones*. Por otra parte, el desafío más grande al dogma central lo constituyó sin duda alguna la teoría de los priones. Los agentes responsables del “scrapie” en ovejas y de la enfermedad de Creutzfeldt Jacob en humanos están compuestos de agregados proteicos sin DNA. La ausencia de DNA plantea el problema de la fidelidad de la replicación, así como el de la transmisión de la información necesaria para su diseminación. Por otra parte, ¿cómo explicar la existencia de mutantes entre diferentes cepas? De acuerdo con el dogma central, cualquier agente que transfiera especificidad de secuencia debe hacerlo por intermedio del DNA. El modelo propuesto por Wills mantiene la asociación entre las secuencias de DNA y proteínas, a la vez que permite pensar en la transferencia de información de proteína a proteína sin alteración de los ácidos nucleicos. Se postuló inicialmente que la replicación de priones se daba por errores de traducción. El modelo suponía que el prion era una variante aberrante que difiere en muy pocos aminoácidos de las proteínas celulares normales. El prion podría perturbar la síntesis de la proteína normal induciendo de este modo una producción mayor de moléculas anómalas. La perturbación se expresaría como un cambio en las probabilidades de sustitución de aminoácidos casi siempre raros, o por desplazamientos en la pauta de lectura en algunas regiones del mRNA. Para que este proceso fuera posible, las secuencias de aminoácidos en el prion debían generarse por traducción del mRNA normal con una tasa de error relativamente baja. Los errores debían conferir a la molécula priónica nuevas propiedades, dentro de las cuales estaba la de inducir el mismo tipo de errores durante la síntesis subsiguiente de estas moléculas [114, 115]. Esta hipótesis iba contra la formulación del dogma central que asume que la fidelidad y la exactitud de la transferencia es alta.

Crick[116] reconoció que ante la carencia de un modelo sobre la maquinaria de transferencia de información, el dogma central había hecho caso omiso de los posibles errores. La existencia de errores de transcripción y traducción haría insuficiente el dogma central, al abrir la posibilidad de que variantes proteicas den lugar a nuevas funciones que inciden sobre el proceso de transmisión de la especificidad biológica.

Por otra parte, los trabajos de Prusiner[117] sobre la transmisión y actividad patológica de los priones desmienten la supuesta violación al dogma central en este caso, y podemos asegurar que a pesar de todas las especulaciones, el postulado de la especificación de secuencia ha salido bien librado. La identificación de los genes codantes para las proteínas priónicas y la ca-

racterización de las mutaciones que responden a la forma infecciosa parecen haber acallado los pretendidos argumentos contra el dogma central.

No obstante, la historia de los priones nos ha enseñado que las interacciones entre proteínas cada vez son más intrigantes, por cuanto en ellas reside la posibilidad de adquirir distintos tipos de plegamientos tridimensionales responsables de la propagación y de la actividad de las partículas priónicas infectivas. Las proteínas anómalas pueden disparar una reacción en cadena que induce la transformación de proteínas normales en patógenas [118].

2.5. Codificación analógica y actividad enzimática

Una vez analizado el carácter digital de la información genética y la necesidad de incluir un sistema físico de interpretación, debemos profundizar en la noción de codificación analógica. En los códigos analógicos su significación esta dada por una relación de similitud. Las enzimas, al requerir reconocimientos estereoespecíficos, son la sede primordial de esta forma de codificación a nivel molecular. La estereoespecificidad permite el reconocimiento de formas complementarias o afines que encajan la una en la otra, como imágenes especulares, o como la llave reconoce a la cerradura. La función que cumplen las enzimas en los procesos de la transmisión y replicación de la información genética muestra la relevancia de la codificación analógica en los sistemas biológicos y la ubica al menos al mismo nivel de importancia que la digital. La coordinación de los procesos catalíticos da lugar a la emergencia de las entidades celulares, sin la cual la información digital no puede ser leída ni transmitida. Por tanto, así como el DNA lleva una descripción digitalizada del organismo, podemos postular de acuerdo con Hoffmeyer que los organismos son descripciones o imágenes analógicas de sus respectivos DNA [119]. En el mismo sentido, el conjunto de las interacciones enzimáticas son las descripciones analógicas a escala molecular del DNA.

Como hemos visto, la actividad enzimática es indispensable para explicar cómo se genera, transmite, recibe, utiliza y degrada la información en el contexto de la actividad celular y organísmica en su conjunto. Mientras que la transcripción reversa está permitida (paso de RNA a DNA), la traducción reversa (paso de proteínas a RNA) está impedida por la degeneración del código genético. La existencia de una retroalimentación permanente del entorno al genoma no implica que sea necesario postular un proceso instructivo (traducción reversa) desde las proteínas al RNA. No se ha descrito un proceso instructivo que permita postular la replicación de proteínas de acuerdo con la secuencia de la proteína molde; en este sentido las proteínas no son

La visión de la evolución prebiótica centrada en el RNA, ha sido reinterpretada por Stuart Kauffman[120] cuando señala que lo importante en ese estadio no era tanto el aspecto informacional del RNA, sino sobre todo su acción catalítica dentro de una compleja red de interacciones moleculares. Declara que la hipótesis de la replicación del gen desnudo, así sea en forma de RNA, es insostenible por falta de apoyo empírico. Los experimentos orientados a mostrar la capacidad del RNA para replicarse *in vitro* en ausencia de enzimas han fracasado. A pesar de su actividad catalítica y de presentar complementariedad de bases, las moléculas de RNA tienden a reasociarse entre sí impidiendo su replicación fiel. Cadenas tipo poli-C han podido ser copiadas en poli-G con altas tasas de error, pero éstas no han podido ser copiadas en nuevas cadenas poli-C. Esta actividad catalítica era compartida por los péptidos prebióticos y por el RNA. Entre ambos tejieron una densa red autocatalítica, la cual condujo a la primera estabilización de redes de interacción moleculares que se abrieron camino en el mundo prebiótico, antes de la estabilización de la información génica como tal. En estas redes o conjuntos autocatalíticos, las moléculas participantes aceleran los procesos de su propia producción, de manera que en presencia de un suministro de moléculas básicas que sirven de alimento, la red es capaz de recrearse constantemente (véase figura 2.6).

Las propiedades de la materia viviente se derivan de las características de estos conjuntos autocatalíticos y, en menor medida, de la magia de la doble hélice. Cada especie molecular por separado es inerte, pero cuando en los sistemas colectivos de moléculas se llega a la situación en que todas las moléculas participantes son producidas dentro del ciclo, se dice que hay “cerramiento” catalítico. La manifestación de propiedades vitales requiere este proceso cerrado de transformaciones. Estas redes se representan por medio de grafos, donde los vértices corresponden a las moléculas participantes y las aristas designan las transformaciones que se dan entre ellas por medio de reacciones químicas. En esta red de reacciones entrelazadas, los productos de algunas reacciones son sustratos de las reacciones subsiguientes. Si una mezcla suficientemente diversa de moléculas se acumula en algún lugar, las probabilidades de que un sistema autocatalítico capaz de mantenerse y autorreproducirse emerja son altas, prácticamente inevitables. La emergencia de sistemas organizados requiere la creación de conexiones entre los constituyentes que obedecen a las interacciones no azarosas, no covalentes y reversibles entre moléculas. Estas interacciones entre moléculas dan lugar a la homeostasis y a la capacidad buffer: la primera se refiere a la tendencia que presenta un sistema a retornar a un estado de “equilibrio” local después de haber sido alejado de él, y la segunda, al proceso en que un sistema expe-

rimenta una tasa muy pequeña de cambio en respuesta al cambio mayor de un parámetro externo. Para la mayoría de los investigadores el metabolismo, la homeostasis, la autoorganización y otros procesos críticos de la vida evolucionaron independientemente, pero la existencia de enzimas y otro tipo de moléculas que pueden interactuar no aleatoriamente con otras explica la alta coordinación que desde muy temprano se dio entre estos procesos.

En resumen, a medida que se incrementa la diversidad de moléculas en el sistema, la proporción de reacciones a moléculas, o aristas a vértices, aumenta en una tasa mucho mayor. En consecuencia, el número de reacciones catalizadas por moléculas del sistema aumenta, y las moléculas que forman parte del sistema se convierten en candidatas capaces de catalizar las reacciones que las producen. Cuando el número de reacciones catalizadas es aproximadamente igual al número de especies moleculares, irrumpe repentinamente un sistema colectivo autocatalítico en una transición de fase o salto súbito.

De este modo, Kauffman[120] reclama una recuperación del énfasis en lo catalítico sobre lo informático, para explicar al menos el origen de la vida. La propuesta anterior sería más clara si hablara de un énfasis en la codificación analógica sobre la digital en la evolución prebiótica, seguida de una predominancia de la digital sobre la analógica a partir de la emergencia de las primeras células. En el mismo sentido, la vida metabólica es anterior a la vida genética; más aun, la primera hizo posible la emergencia de la segunda [121].

2.6. Codificación digital y reconocimiento directo de patrones

Los registros de información están representados en cualquier arreglo estructural, bien sea que se considere a nivel de su secuencia primaria o a nivel de su estructura tridimensional. El primer caso corresponde a la información digital, de la cual el DNA es el prototipo heurístico por excelencia, aunque la codificación genética no necesariamente tiene que ser de tipo binario. En el segundo caso estamos ante un reconocimiento directo de patrones, tal como se da entre superficies interactuantes (interacciones dinámicas coherentes, plegamiento de proteínas, reconocimiento sustrato-enzima, reconocimiento antígeno-anticuerpo, autoensamblaje, etc.). En esta última situación el número de estados energéticamente posibles es mayor que el número de reacciones disponibles para el sistema [122]. Las reacciones disponibles difieren de las posibles en la energía de activación y son seleccionadas por los

sistemas de control que residen en estructuras alostéricas o flexibles y complementariedades inducidas. Las proteínas son elementos plásticos que presentan varias conformaciones posibles con una estereoespecificidad definida. De este modo, las proteínas, según el estado energético en que se encuentren, pueden reconocer distintos tipos de moléculas sustratos, inductores, reguladores, etc. Cada uno de estos reconocimientos tomados independientemente son deterministas, pero la proteína como tal es versátil y flexible. Por estas razones es apropiado caracterizar los reconocimientos directos de patrones (RDP) como formas de codificación analógicas.

Los registros lineales son copiados por las proteínas de acuerdo con el patrón dado por una plantilla molde, mientras que los tridimensionales se reproducen en un paso determinado dentro de un ciclo de transformaciones, que incluyen expresión de los genes correspondientes. Los primeros corresponden a los “replicadores” y los segundos, a los “interactores”. En este punto es importante introducir la distinción entre copiado y reproducción. La primera corresponde al copiado directo sobre una plantilla o molde de la estructura para producir la complementaria (DNA, RNA, quizás algunos péptidos), mientras que la segunda se aplica a cualquier estructura procedente de una línea de procesamiento por pasos en un ciclo (bioquímico) o en una cadena de transformación (epigénesis).

Cada nivel de organización define sus reglas de codificación independientemente de la naturaleza física de los símbolos empleados. Además, los códigos biológicos emplearían una enorme cantidad de símbolos, pero éstos no serían entidades estáticas sino que podrían generar nuevos tipos de símbolos. ¿Cómo se definen los símbolos a usar en los procesos de codificación? Además, ¿cómo se define su especificidad? La especificidad de los símbolos tiene que ver con sus referentes externos y se decide en el proceso de medición por parte del agente observador. Sin embargo, el proceso de asignación de referentes externos no parece ser formalizable.

La codificación se hace posible por medio de la aparición de jerarquías. Además, la autonomía, dinámica y arreglo estructural de cada nivel de organización tienen que ver con un modo propio de captar y transformar la energía, utilizando los módulos estructurales adecuados para garantizar la continuidad de este flujo. La codificación genética sería el prototipo de los códigos digitales, pero no el único código biológico existente. El código genético permite traducir una secuencia de nucleótidos (DNA) en una de aminoácidos (proteína), pero una secuencia lineal de aminoácidos encierra niveles de significancia ausentes en el DNA. No se ha descrito un proceso de traducción reversa que permita deducir una regla para transformar una secuencia de aminoácidos en una de DNA, puesto que, debido a la degenera-

ción del código, el número de secuencias nucleotídicas posibles que satisfacen una única secuencia de aminoácidos es muy alto. Tampoco existen reglas que permitan decodificar una forma tridimensional en una secuencia lineal, ya que el número de secuencias lineales que pueden generarse sobrepasa en exceso el número de formas tridimensionales.

En los procesos de autoorganización biológica la información codificada en una forma se transforma en otra. Consideremos, por ejemplo, el autoensamblaje de un bacteriófago a partir de sus proteínas constituyentes. Inicialmente, la estructura del fago está codificada en las formas y características químicas de estas moléculas, que equivaldrían a piezas de un rompecabezas desarmado distribuidas al azar. Una descripción inicial completa del sistema debería especificar las estructuras de las proteínas (secuencia lineal), más la información concerniente a la posición que deben asumir. Cuando termina el proceso de autoensamble, las proteínas se encuentran organizadas en los bacteriófagos. En este momento, se requiere la misma información que antes para especificar las estructuras de las proteínas, y su posición relativa en el espacio está parcialmente definida por esa información. El arreglo de los fagos completos debe especificarse independientemente, pero la posición relativa de las proteínas dentro de los fagos está determinada por parte de la información inherente a ellas. Resumiendo, el ensamblaje del fago se efectúa a expensas de la información posicional de las proteínas, no especificada *ab initio* [58].

Las formas tridimensionales solamente pueden ser decodificadas por otras. Tomemos el caso de una serie de epitopes complementarios; si consideramos cada epitope como un símbolo, la secuencia de epitopes correspondería a un código digital de orden superior, aunque irreducible a los símbolos propios del nivel de organización inferior. Es decir, un nivel de codificación digital da lugar a un nivel superior de codificación por reconocimiento directo de patrones (RDP), el cual a su vez generaría un código digital superior que usaría unos símbolos más complejos.

Para continuar con el desarrollo de la idea de jerarquías codantes, veamos qué ocurre en el nivel inmediatamente inferior del DNA. Éste sería el caso de las interacciones en que participan las moléculas de tRNA durante el proceso de decodificación o traducción de los mensajes genéticos. El código genético especifica las reglas que permiten traducir una secuencia de nucleótidos en una de aminoácidos. El desciframiento del código representó uno de los mayores hitos en la historia de la ciencia, y permitió describir las correspondencias codon aminoácido. Sin embargo, el origen de estas correspondencias no es claro y hay numerosas hipótesis que tratan de explicar la evolución, estructura y modo de organización del código. Hoy en día se acepta que estas

correspondencias son posibles por la interacción entre el RNA de transferencia y la enzima aminoacil-RNA-sintetasa, es decir, que la decodificación de un registro digital lineal requiere un RDP. En otras palabras, existe un tipo de codificación RDP subyacente al código genético. A su vez, este reconocimiento sin ambigüedad (tRNA-aminoacil-RNA-sintetasa) es el resultado de los acoplamientos estructurales que tuvieron lugar entre moléculas de aminoácidos, polirribonucleótidos y péptidos en el mundo prebiótico. Es decir, subyacente al código RDP que caracteriza esta interacción tRNA-enzima, hubo una selección de moléculas (péptidos y RNA) con una secuencia definida de módulos. En conclusión, las codificaciones de tipo digital y RDP están íntimamente asociadas en cada nivel jerárquico de organización.

A su vez, el RNA combina simultáneamente la característica de ser una molécula portadora de información digital con la de ser un agente catalítico que actúa sobre sustratos específicos. Estos reconocimientos específicos permiten a las enzimas actuar como demonios de Maxwell [2, 64]. Cada reconocimiento es como un posible patrón de medida: una vez que se escoge el apropiado, la medición y la computación se hacen posibles.

La reflexión precedente nos lleva a proponer que el hecho de que una estructura específica corresponda a una codificación digital o analógica depende del contexto. Las moléculas tomadas individualmente son sujetos de reconocimientos específicos o analógicos. Sin embargo, cuando se toman en conjunto con otras resulta que forman parte de un texto digitalizado con significado propio. En el primer caso las moléculas están desempeñando el papel de observadores internos, mientras que en la segunda situación actúan como registros de información.

En este contexto se postula que los procesos de transformaciones biológicas son algoritmos, y para que puedan calificar como instancias de codificación deben presentar la capacidad de comprimir información. Los algoritmos conceptualmente se pueden descomponer en una jerarquía de niveles, en la que los niveles inferiores corresponden a interacciones atómicas y los superiores a interacciones entre estructuras más complejas. Hay una tendencia muy fuerte entre los biólogos moleculares a querer explicar todo en términos del nivel más inferior, pero en la práctica este objetivo es inalcanzable, ya que se requiere una descripción más exhaustiva difícil de comprimir. Es, sin embargo, posible escribir algoritmos que describen las interacciones de las estructuras de orden superior sin referirse explícitamente a las inferiores. Estos algoritmos exhiben compresión de información porque describen la esencia de las interacciones, incluyendo únicamente la información relevante. Por ejemplo, para describir una interacción entre proteínas, en vez de

computar las respectivas estructuras primarias y los posibles plegamientos que sufren, describen solamente las distribuciones de cargas en una superficie, o se limitan a describir las interacciones hidrofóbicas, dejando de lado el resto.

Sostengo que para que se establezcan acoplamientos estructurales, y de este modo surjan motivos con restricción funcional, se requiere comprimir la información. Los dominios estructurales con alta restricción funcional son equiparables a programas altamente comprimidos. Los sistemas vivientes emplean diferentes clases de algoritmos para comprimir información. Tenemos, sin embargo, que para comprimir información se requiere una instancia a un nivel superior, que actúa como agente interpretante escogiendo y ejecutando el algoritmo. Pero si no hay compresión de la información tampoco puede emerger el nivel superior de organización. Estamos ante otra versión del problema de quién fue primero, si el huevo o la gallina. La compresión de información permite el establecimiento de acoples por medio de la aparición de sitios con alta restricción funcional.

Una codificación energéticamente eficiente conduce a la producción de registros abreviados, que son comparables a dominios con alta restricción funcional, y en consecuencia son susceptibles de afectarse críticamente en caso de sufrir cambios mutacionales. En el caso contrario, los registros no abreviados o redundantes son energéticamente costosos, en pago por la tolerancia mutacional y la flexibilidad evolutiva. Para cada especie hay un compromiso entre registros altamente abreviados y redundantes; por ejemplo, en procariotes predominan genomas compactos con genes de copia única, compensados por una alta redundancia a nivel poblacional y tasas altas de transferencia lateral; en protistos se presenta un porcentaje reducido de secuencias de DNA redundantes, alta redundancia poblacional y tasas moderadas de transferencia lateral; en eucariotes multicelulares la redundancia de secuencias en el DNA alcanza niveles muy altos, mientras que la redundancia poblacional y las tasas de transferencia lateral son muy bajas [123, 99].

La tendencia hacia la redundancia proviene de la disipación energética y la variación aleatoria (Primeridad), mientras que la tendencia hacia la compactación se deriva de las restricciones que actúan sobre el sistema (Terceridad). Estas dos tendencias convergen en las entidades vivientes tal como son, cuyos grados de conectividad y características adaptativas confieren la determinación (Segundidad)³. Las disminuciones locales de entropía en sitios altamente seleccionados por su funcionalidad se pagan con incrementos de entropía, la cual no solamente se disipa al ambiente, sino que también se

³Para la definición de estos términos ver más adelante capítulo 3.

manifiesta en parte en los cambios aleatorios como variaciones neutras y redundancia. Para mostrar que la redundancia y la neutralidad van asociadas, asumamos que una estructura funcional previamente seleccionada sufre los efectos disruptivos de cambios aleatorios como mutaciones y duplicaciones. Si las duplicaciones proceden con una frecuencia mayor que las mutaciones, terminaríamos por generar redundancia; como ejemplo tenemos la existencia de familias de secuencias altamente repetitivas en el DNA, como la Alu en humanos [75, 99].

El demonio de Maxwell no puede existir en un sistema cerrado. No obstante, para sistemas abiertos lejos del equilibrio es posible postular diversos tipos de agentes que se informan permanentemente del estado de la naturaleza, poniendo al día el registro y que por tanto, son capaces de ejercer un trabajo selectivo. A cada nivel de organización le corresponderían sus respectivos agentes organizadores o demonios de Maxwell. Toda esta dinámica de génesis de información requiere un trabajo previo, en el que se consume alta energía y se disipa entropía. La medición elimina incertidumbre sobre los estados del medio, y la capacidad de ajuste permite generar un registro de la medida. Este último se observa como reacomodación estructural, rearrreglo, etc., y se posibilita por el acople de múltiples reacciones químicas exo y endotérmicas, donde la energía química almacenada se libera para producir nuevos enlaces que dan lugar a nuevas estructuras [124]. Estas modificaciones estructurales estarían asociadas a disminuciones locales de entropía en los sitios con restricción funcional y a aumentos de entropía en los sitios no acoplados. Así, lo que pudo haber surgido como un evento aleatorio, a consecuencia de la medición interna se memoriza en un nuevo arreglo estructural, una vez que ha pasado a ser parte de un registro o descripción local realizada por un observador interno.

Cuando los ajustes estructurales involucran duplicaciones o fusiones de módulos, se generan estructuras más complejas. En el caso de la evolución de la codificación en el DNA, cuando resultó energéticamente costoso explorar nuevas configuraciones por medio del aumento en la longitud del polímero, se instauraron nuevos niveles de significancia por recombinación de módulos (exones), pasándose a un nuevo nivel jerárquico de “codificación-decodificación” dado por la emergencia de un mundo de significados o funciones. La información altamente compactada en el genoma en los casos en que un mismo fragmento de DNA lleva más de un gen precisa un mecanismo decodificador más complejo, en este caso, el procesamiento alternativo del RNA mensajero. Entre más compactos sean los registros de información, más compleja es su decodificación.

Los códigos son necesarios para establecer los registros de información, y su adecuación está relacionada con la capacidad de hacer registros abreviados. Según Zurek, el diablillo de Maxwell elabora registros codificados con el objetivo de optimizar un proceso de transferencia y flujo de energía que permite la realización de un trabajo físico. Por tanto, las estructuras no sólo son registros codificados de la experiencia pasada, sino dispositivos o artificios que participan de los procesos de transferencia de energía a través de la definición de ciertas estructuras. Al fluir la energía, emergen estructuras nuevas que en el proceso de interacción con otras dan lugar a niveles nuevos de codificación y a nuevos registros.

El código genético que expresa la correspondencia codon-aminoácido, mediatizada por los RNA de transferencia y las aminoacil-k-RNA-sintetasas, es el resultado de los acoplamientos estructurales realizados en el mundo prebiótico entre moléculas cortas de RNA y oligopéptidos, que canalizaban los flujos de energía química inherentes a los sistemas replicantes primitivos. La vida evolucionó e intensificó el flujo energético, utilizando este código primario, ampliando la capacidad de registro, pero sobre todo, creando niveles superiores de significación y generando nuevos sistemas de “codificación-decodificación”. Las teorías sobre el origen del código genético que se han centrado en la búsqueda de determinantes de identidad en el t-RNA proveen evidencia suficiente en favor de la hipótesis de la existencia de un código ancestral, situado en los RNA con estructura tipo gancho de pelo, consideradas como precursor de los t-RNA actuales [125, 126]. La duplicación directa de esta estructura dio origen a los RNA de transferencia y, al mismo tiempo, transfirió el código ancestral de la estructura en gancho de pelo al bucle anticodónico [127]. Fue precisamente en esta transición que las interacciones esteroquímicas aminoácido-anticodon se expresaron [128].

Se han identificado al menos tres niveles de codificación espacial en el DNA superiores al codónico: la organización del nucleosoma, el reconocimiento de proteínas interactivas y las regiones promotoras e intensificadoras de la transcripción [129]. La existencia de genes de regulación pone en evidencia la organización jerárquica a nivel del propio genoma. Los estudios estadísticos sobre secuencias de pares de bases en las regiones no codantes presentan una estructura similar a la de los lenguajes descritas para las regiones codantes, ¿quiere decir esto que las regiones no codantes llevan información biológica que no hemos podido interpretar? [130].

Así como en el DNA existen múltiples niveles de significación correspondientes a los distintos grados de orden deducibles de su estructura, en cada uno de los niveles de la organización jerárquica habría que identificar los

códigos asociados, por ejemplo, los propios de la organización celular, los que definen las interacciones celulares y dan lugar a las vías de desarrollo, los que definen los patrones de organización neuronales, los dados por el lenguaje, los sociales, etc.

Von Neumann argumentó que para construir un autómata que tenga capacidad de autorreplicarse y evolucionar, es necesario incorporar una descripción de sí mismo. La relación descripción-construcción es análoga a la relación genotipo-fenotipo en biología, puesto que en este caso no sabemos qué tanto es expresión de información genética (controles semióticos) y qué tanto se genera como consecuencia de la autoorganización. Los códigos, entendidos como las leyes (estructuras y procesos) de transformación de un lenguaje a otro, son indispensables para entender la relación existente entre niveles de organización adyacentes, por ejemplo, entre genotipo y fenotipo, o entre jerarquías genealógicas y ecológicas [131]. Las jerarquías genealógicas son sistemas de flujo de información que funcionan obedeciendo patrones de conectividad establecidos tipo signo-interpretante y por tanto los resultados son altamente predecibles. Por el contrario, las jerarquías ecológicas son sistemas de flujo energético que constituyen un domino de exploración, en el que las interacciones que pueden producirse se dan con un grado de impredecibilidad a través de ensayos de medición con diferentes patrones de medida.

Los registros codificados son análogos a una descripción abstracta. La relación entre esta descripción y el objeto físico que “realmente se construye” no es directa, ya que intervienen interacciones y procesos dinámicos propios de la autoorganización. El registro genético, por ejemplo, no contiene una descripción total del organismo punto por punto, grabada en la secuencia lineal de nucleótidos en el DNA. Por el contrario, los códigos facilitan los procesos de construcción permanente que realizan los sistemas vivos, teniendo en cuenta que a descripciones similares pueden corresponder construcciones muy diferentes o viceversa, como en el caso de convergencias a nivel de vías de desarrollo. El programa genético se interpreta mejor dentro de un esquema epigenético, puesto que a lo largo del desarrollo emergen estructuras, como los agregados multiproteínicos, que permiten la aparición de las siguientes.

Los códigos dan la pauta para un trabajo de construcción, pero no restringen los resultados. En el caso particular del código genético, se observa que, aunque solamente hay asignaciones para 20 aminoácidos, esto no limita la variedad de los que están presentes en las proteínas, que alcanzan la cifra de 140. Los 120 restantes se producen por intermedio de modificaciones postraduccionales que flexibilizan las limitaciones impuestas por el código.

Los códigos dan las convenciones para manejar los contextos o entornos, y en esta interacción sistema (agente observador)-entorno (agente decodificador), se va definiendo la reedición de niveles superiores de “codificación-decodificación”.

Los registros codificados, aunque son altamente conservados, son susceptibles de alterarse por degradación o mutación, dada la naturaleza entrópica del fenómeno de copiado de los registros digitalizados como el DNA, y de la reproducción de los registros RDP. Sin embargo, desde un punto de vista internalista, la degradación de los registros ocurre como consecuencia del mismo acto de la medición local.

Los errores pueden ocurrir tanto en la medición como en la elaboración del registro. Además, pueden presentarse desactualizaciones de los códigos ante cambios súbitos o imprevistos del entorno. Por tanto, para mantener la eficiencia en la codificación, los registros de información se chequean permanentemente por mutación y selección, pues, lejos de constituir programas estáticos, están sometidos al monitoreo constante que se da en los sistemas biológicos, gracias a las mediciones locales. Los registros siempre están desactualizados o atrasados con respecto a la realidad presente, puesto que la codificación implica una intervención que modifica el entorno a través de la medición. El retraso o desfase entre la realidad externa y el registro estructural tiende a aumentar cuando tienen lugar cambios repentinos de las condiciones externas. Por tanto, los registros se deben monitorear permanentemente, de modo que las convenciones antiguas se reeditan, algunas se eliminan y otras nuevas pueden emerger. La actividad biológica y el aprendizaje se dan en todo momento, unas veces como corroboración y otras como fuente de innovación.

Recordemos una vez más que el DNA no es la única instancia de codificación, aunque sí constituye hasta ahora el mejor ejemplo de codificación digital presente en la naturaleza. El determinismo genético es apenas una aproximación para definir los determinismos inherentes a los sistemas biológicos. Cuando una característica o un comportamiento están fuertemente enraizados y condicionados por la naturaleza biológica, no quiere decir que necesariamente estén determinados genéticamente, aunque en algunos casos puedan estarlo. Los determinismos genéticos son solamente parte de los determinismos sistémicos y no la única instancia donde se definen los rasgos propios de los sistemas vivientes. Este punto es de suma importancia para evitar subestimar el potencial de cambio que se genera en otras instancias distintas a la organización estrictamente genéticas, por ejemplo, las de tipo celular, epigenético, comportamental, poblacional y social.

2.7. Ruptura del paradigma: una secuencia/ una estructura

De acuerdo con el trabajo del grupo de Peter Schuster, se infiere que para el caso del RNA una estructura no siempre está determinada por una secuencia. Las investigaciones sobre la evolución del RNA suscitan interrogantes que no pueden resolverse asumiendo una relación uno a uno entre estructuras (formas) y secuencias. Para entender la relación entre ellas se requieren conceptos abstractos, como espacios de secuencias y de formas, para poder establecer las correspondencias o el mapeo del uno en el otro.

Los espacios de secuencia son los mismos hipercubos descritos anteriormente, mientras que los espacios de formas son hipercubos donde cada dimensión representa una característica o parámetro propio de la estructura, como ejes espaciales, peso molecular, carga neta, momento dipolar, hidrofobicidad, ejes de simetría, etc. [132]. En este espacio cada punto representa una forma. Se trata de una aproximación en la que la forma, que es una noción cualitativa, se intenta reducir a unos parámetros cuantitativos.

El mapa, que muestra las correspondencias entre las secuencias posibles de RNA de 100 nucleótidos y las formas, permite inferir las conclusiones siguientes :

1. A una forma determinada corresponden muchas secuencias sin relación entre ellas.
2. A partir de una secuencia cualquiera puede definirse un espacio o bola que cobija a todas las variantes que no sobrepasan el valor de distancia de Hamming de 20 y donde quedan representadas todas las formas posibles.
3. Se pueden describir trayectorias neutras por todo el espacio de secuencias uniendo los puntos que corresponden a secuencias que presentan la misma forma.
4. A partir de cualquier secuencia tomada al azar es posible llegar a cualquier forma deseada, a través de relativamente pocos pasos mutacionales [133] (ver figuras 2.7 y 2.8).

Perelson y Oster [134], y Segel y Perelson [135] consideraron una subregión o bola donde están ubicados todos los epitopes que pueden unirse a un anticuerpo y calcularon en 10^8 el número de anticuerpos necesarios para saturar el espacio de todas las formas moleculares.

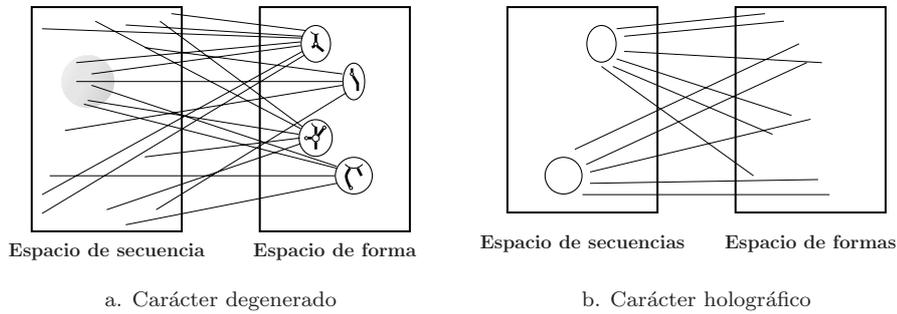


FIGURA 2.7. Mapa del espacio de secuencias de RNA en el espacio de sus estructuras secundarias o de formas. Cualquier secuencia tomada al azar está rodeada por una bola en el espacio de secuencias que contiene secuencias que se pliegan en todas las formas posibles. El diámetro de la bola es substancialmente menor que la dimensión del espacio de secuencias. a) Muestra como una misma estructura puede estar codificada por diferentes secuencias. b) Muestra como a partir de una secuencia cualquiera, el conjunto de sus mutantes cercanos puede cubrir todo el espacio de formas.

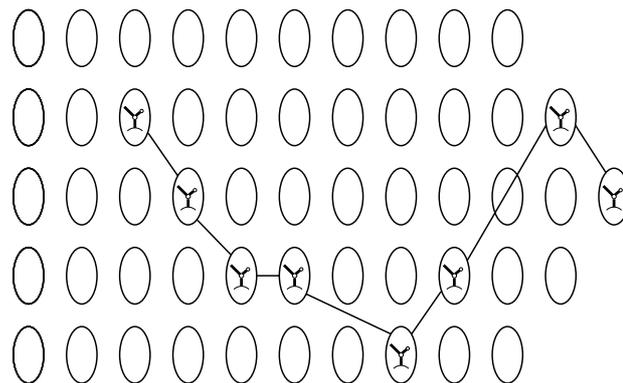


FIGURA 2.8. Recorridos neutros en el espacio de las secuencias. Un camino neutro conecta las secuencias que se pliegan en una misma estructura y que distan de cada paso por distancias de Hamming de 1 ó 2.

Por otra parte, las investigaciones orientadas a aplicaciones biotecnológicas han arrojado resultados interesantes, que permiten analizar la relación secuencia-estructura en el caso de las proteínas. Por ejemplo, el caso de la interacción de un hexapéptido con un anticuerpo. Un anticuerpo específico dirigido contra un hexapéptido determinado se utilizó para estudiar una biblioteca de hexámeros aleatoria, con el fin de encontrar contra qué otros

péptidos podría unirse. El número de hexapéptidos posibles es de 20^6 , aproximadamente igual a $6,4 \times 10^7$. Usando el método de expresión en fagos, se sometieron a escrutinio $2,1 \times 10^7$ hexapéptidos, y se encontraron 19 que reaccionaron de manera positiva. Se calculó en aproximadamente uno en un millón, la probabilidad de que dos hexapéptidos tengan la misma conformación tridimensional que permita su reconocimiento cruzado por el mismo anticuerpo.

Igualmente, se encontró que en promedio los hexapéptidos que dieron reacción positiva diferían en tres (3) aminoácidos con respecto al original, anotando que había uno (1) que difería en todos los seis (6) [136].

Se concluye que moléculas con formas equivalentes (isomórficas) pueden ocupar sitios bastante distantes y alejados en el espacio de secuencias, es decir que moléculas muy diferentes en secuencia lineal pueden presentar formas similares (ocupan posiciones vecinas o cercanas en el espacio de formas). Tanto para proteínas como para RNA, las secuencias que se pliegan en la misma estructura están distribuidas al azar en el espacio de secuencias. Por otra parte a partir de una secuencia cualquiera tomada al azar es posible ir encontrando mutantes cercanos en el espacio de secuencias que rápidamente van llenando el espacio de todas las formas posibles, por tanto basta con explorar regiones mucho más reducidas del espacio de secuencias para encontrar todas las estructuras posibles. Para la biotecnología, este hecho reviste una importancia especial, puesto que permite pensar en construir bibliotecas enormes de péptidos y seleccionar cualquier forma concebible con una función determinada. Para proteínas con 100 aminoácidos se calculan 10^{130} secuencias posibles; sin embargo, el número estimado de formas sería de 10^{11} . (Ver tabla 2.2).

TABLA 2.2. Tamaños estimados de los espacios de secuencia y formas para RNA y proteínas

	Tamaño Espacio de secuencia	Tamaño Espacio de formas	Relación secuencia: forma
proteína	$20^{100} = 10^{130}$	10^{11}	10^{119}
RNA	$4^{100} = 10^{60}$	7×10^{23}	$1,4 \times 10^{36}$

Además, no sólo moléculas similares tienen formas similares, sino que pequeñas partes de moléculas muy diferentes pueden presentar la misma forma local (aspartame-carbohidrato; endorfina-opio; glucosa oxidasa-benzoquinona; galactosa oxidasa-alcohol deshidrogenasa, etc.).

Para la teoría biológica este fenómeno motiva a una revisión radical de los esquemas de interpretación de la relación estructura función. La función no puede asimilarse a la estructura, puesto que a muchas estructuras corresponde una misma función. Mientras que en lo relativo a las secuencias primarias la biosfera ha explorado una fracción astronómicamente pequeña de las posibles, a nivel de las formas moleculares el espacio de las posibles se ha realizado en su casi totalidad. Los organismos de mayor complejidad, en términos de su diversidad molecular, están dotados prácticamente de todas las formas moleculares existentes y por tanto parecen estar capacitados para ejecutar cualquier reacción enzimática, reconociendo como sustrato cualquier molécula que se les presente. Igualmente, la diversidad de anticuerpos les permitiría reconocer cualquier antígeno posible. Desde esta perspectiva hay que considerar que si la evolución de las formas funcionales está saturada, la gran mayoría de las variantes moleculares de una u otra forma son neutras, o pasan a corresponder a otra forma existente. ¿Se debe este fenómeno a una paradoja que se desprende del carácter necesariamente irreducible de las formas? En otras palabras, ¿al aproximar las formas a un conjunto de parámetros computables se colapsan en un conjunto limitado y reducido de posibles? O, por el contrario, en caso de que la aproximación a la determinación de las formas sea correcta, ¿no estaría indicando este fenómeno que las correspondencias entre el universo de las secuencias y el de las formas se describen por un patrón hologramático? Hologramático en el sentido de que “todo es un reflejo de todo lo demás”, o que la parte contiene una representación del todo. De ser así, estamos ante un ejemplo que da apoyo empírico al argumento de que, más allá de la aleatoriedad de las mutaciones, existe un alto grado de orden en la estructura profunda de la vida.

En otras palabras, si la evolución consistiera únicamente en la búsqueda de nuevas combinaciones dadas en las secuencias de ácidos nucleicos, podríamos afirmar que esta expansión apenas si ha comenzado, pero si por el contrario el objetivo de la evolución molecular es la obtención de estructuras estables, la evolución molecular ha llegado a un grado próximo a la saturación. Afirmando por tanto que lo que le importa a la vida no es tanto el reordenamiento aleatorio de las secuencias nucleóticas, sino el hallazgo de estructuras estables, y existen todas las probabilidades a favor de encontrarlas!

Más aún, cuando se intenta levantar el mapa de las secuencias de ácidos nucleicos en sus péptidos correspondientes, se observa que el número de secuencias lineales que satisfacen una estructura o forma definida es mucho mayor que en el caso de los RNA. El dogma central de la biología molecular

oculta esta relación puesto que está construido sobre una correspondencia: uno a uno. Todas las secuencias nucleótídicas tienen un significado potencial, pero la mayoría permanecen sin sentido mientras que su forma péptidica correspondiente sea seleccionada. Las secuencias lineales que no se pliegan en formas estables no pueden ser seleccionadas puesto que la selección ejercida desde adentro opera dentro de un contexto semántico dado por la red de formas interactuantes que ejercen reconocimientos específicos.

2.8. Estructura-Función

La relación estructura-función no es definible en términos de una correspondencia biunívoca. Como vimos, a una misma estructura pueden corresponder diferentes funciones que varían según el contexto.

Por otra parte, los mapas que buscan establecer las correlaciones entre espacios de secuencia lineales y espacios de formas indican un tipo de relación bastante compleja, que se aproxima más a un modelo holográfico que a uno determinista y mecánico, debido a que no hay correspondencias uno-uno, sino muchos-uno. Un mapa holográfico indica que cualquier subregión en el espacio de secuencias contiene la imagen de todo el espacio de formas (véase figura 2.7).

Por otra parte, la existencia de moléculas mimetizadoras y anticuerpos catalíticos demuestra que lo que influye a nivel funcional es la forma dada por la distribución de cargas en una superficie y no tanto el tipo de secuencia primaria que la produce; moléculas diferentes pueden converger en el mismo tipo de superficie con igual distribución de cargas, o sea con igual forma [137, 138].

Con el fin de indagar un poco sobre el problema que implica esta relación estructura-función, veamos algunas reflexiones sobre cómo aparecen o surgen las funciones. Un gran número de funciones bioquímicas, como la síntesis de diversos monómeros y agentes catalíticos para la construcción de macromoléculas, debieron existir antes de la emergencia de las primeras células, aunque ejecutadas por moléculas de naturaleza no necesariamente proteica. También debieron existir funciones asociadas con la captura, almacenamiento y utilización de energía. Con la aparición de las primeras células, estas funciones pasaron a ser ejecutadas por proteínas celulares, que en un momento determinado se hicieron cargo de las funciones catalíticas que ejercían otro tipo de moléculas.

La posibilidad de obtener una función particular radica en que pueda ejecutarse por cualquier variante proteica de la reserva existente. Si se requieren

funciones, el agente molecular que la ejecuta debe existir con antelación. La necesidad de introducir una función nueva suscita problemas en cualquier escenario que parta de un desarrollo gradual. La posibilidad de ejecutar una acción que posteriormente se identifica como función, debe existir antes de que se necesite. Por ejemplo, la presencia de cierto tipo de proteínas es un requerimiento para el desempeño futuro de su actividad funcional en el contexto de la organización celular.

No obstante, hoy en día no existe un mecanismo definido, o un procedimiento metodológico que permita predecir una función a partir de la estructura primaria (secuencia de aminoácidos). Si consideramos todas las secuencias proteicas posibles en un espacio de secuencias n -dimensional, solamente una fracción muy pequeña podría desempeñarla. Si partimos de un punto cualquiera, no se puede definir con antelación un camino o secuencia de transformaciones a seguir con el objetivo de encontrar la función deseada. Por el contrario, la experiencia derivada de la biotecnología molecular por evolución *in vitro* muestra que la única manera de encontrar funciones es la existencia de suficiente variedad de proteínas. Hay una cierta probabilidad de encontrar una función a partir de todas las proteínas posibles, pero las probabilidades para el asignamiento de una función específica no se pueden calcular. Podemos afirmar que esta probabilidad no es despreciable puesto que, de hecho, las funciones han aparecido. El que esta probabilidad no sea despreciable significa que no se trata de encontrar una única secuencia de digamos 100 aminoácidos entre 10^{130} , lo que sería prácticamente despreciable, sino que se trata de una probabilidad razonablemente mayor⁴, debido a que una función como tal no requiere una secuencia determinada, sino la presencia de algunos aminoácidos en sitios específicos, mientras que en otros existe una gran posibilidad de variación. Además, en etapas prebióticas no se trataba de escoger 1 entre los 20 aminoácidos, sino entre los que predominaban en ese momento (Gly y Ala). La probabilidad de encontrar una proteína funcional es muy pequeña, pero no completamente despreciable, si se tiene en cuenta que existe una gran cantidad de proteínas con capacidad de ejecutarla.

Hay otros hechos que facilitarían la emergencia de funciones, por ejemplo algunas enzimas presentan varias funciones y frecuentemente un cambio pequeño en la secuencia puede conducir a otra proteína con estructura y función diferentes. La existencia de proteínas funcionales puede incrementar también las posibilidades de aparición de nuevas funciones. Cuando a partir de proteínas funcionales se desarrollan nuevas funciones tenemos un ejemplo

⁴> $1/10^{11}$. Véase la tabla 2.2.

de exaptación. Sin embargo, hay que insistir en que no existe información previa sobre el tipo de funciones que pueden obtenerse, aunque la probabilidad de encontrarlas no sea despreciable. Es físicamente imposible que la naturaleza a lo largo de la evolución haya explorado todas las estructuras y funciones posibles; solamente las funciones con probabilidad razonable de ocurrir aparecieron. Las funciones conocidas debieron haber sido razonablemente probables. Lo que vemos es el efecto de lo que fue posible, ya que es muy difícil especular acerca de alternativas funcionales que no fueron suficientemente aptas para sobrevivir u otras que tenían una probabilidad muy baja de ocurrir.

Capítulo 3

Semiótica de la evolución biológica

“...cada ser creado, así como cada mónada, está sometido al cambio y este cambio se da en cada uno continuamente. De aquí se sigue que los cambios naturales de las mónadas resultan de un principio interior a ellas.” [139]

“... if we do not assume consciousness, then natural selection is inadequate; but if we do assume consciousness, then the inheritance of acquired characters is unnecessary.” [140]

“Deep in the human unconscious is a pervasive need for a logical universe that makes sense. But the real universe is always one step beyond logic.” [141]

La semiótica es la ciencia que estudia los procesos de producción, transmisión e interpretación de signos naturales y culturales. Todas las formas de comunicación humana (lenguaje, matemáticas, arte, etc.) y todas las formas de comunicación descritas en la naturaleza viviente involucran signos, y por tanto caen dentro del campo de la semiótica. Estamos inmersos en un entorno inmensamente rico en signos, y la semiótica constituye un intento de conocer las similitudes y diferencias entre los signos naturales y los culturales. Igualmente, la semiótica busca entender qué significa ser *signo*, así como la dinámica implicada en la producción e interpretación de otros signos.

El conocimiento sólo es posible mediante signos. No hay signos absolutos, perfectos o definitivos, sino que siempre están en flujo o procesamiento. La naturaleza del signo es dual en cuanto consta de un “representamen” que se refiere a un objeto, a la vez que debe estar referido a su “interpretante”

(aquello que es responsable del significado del signo). Como veremos más adelante se trata de una dualidad que se fundamenta en una naturaleza triádica. Según Peirce hay signos de tres tipos: iconos, índices y símbolos. Los iconos se asemejan a los objetos que representan (por ejemplo utilizar un círculo que representa el sol, un árbol para representar la vida etc.). Los índices se relacionan con sus objetos por medio de alguna conexión natural (por ejemplo el humo como indicio de fuego). Los símbolos se relacionan con sus objetos por el uso habitual del signo de acuerdo con una convención cultural (por ejemplo las palabras del lenguaje, los números de la aritmética).

Peirce sistematizó tres categorías generales o modos de ser que cobijan todos los campos del conocimiento (véase figura 3.1). La descripción de estas categorías está dada con palabras claves que corresponden a conceptos fundamentales.

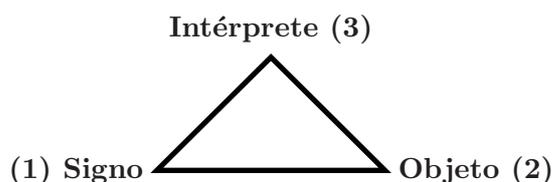


FIGURA 3.1. Categorías peircianas y tríada básica del conocimiento.

1. *Primeridad* (Firstness): inmediatez, impresión primera, frescura, sensación, predicado unario, azar, posibilidad.
2. *Segundidad* (Secondness): otredad, reacción, efecto, resistencia, relación binaria, hecho, actualidad.
3. *Terceridad* (Thirdness): continuidad, mediación, orden, conocimiento, relación ternaria, ley, generalidad, necesidad.

Estas tres categorías no se manifiestan de manera independiente sino que se superponen constantemente, contribuyendo a recuperar el sentido de la unidad y totalidad allí donde se ha instaurado un pensamiento dualista o bipolar. En la dialéctica aparece una preocupación similar donde la Tesis se niega en la Antítesis para permitir su resolución en una nueva Síntesis que recupera el sentido de la unidad donde existía de hecho una contradicción. En el caso de Peirce no se deben ver como una secuencia lineal de pasos sino como una realidad que posee tres modos o maneras de ser.

La categoría de la Segundidad corresponde a lo que de hecho se ha denominado como la realidad sensible o material en cuyo estudio se ha centrado la ciencia clásica por excelencia. No obstante, Peirce muestra que esta realidad ontológica no es autosuficiente ó explicable por sí misma sino que es la manifestación transitoria de un proceso o trama evolutivo que incluye una potencialidad dada por el azar (*Primeridad*) y un principio de generalización u organización (*Terceridad*) que permite realizar o actualizar aquello que existía como potencia. La dualidad “Azar-Necesidad” trabajada por Monod[2], expresa la polaridad intrínseca a los sistemas naturales y sobretodo la que caracteriza la dinámicas evolutivas propias de la vida. El pensamiento triádico entra a recuperar el sentido de complementariedad subyacente en esta polaridad a la vez que explica su evolución permanente. Peirce tuvo una influencia notoria del darwinismo y quiso desarrollar una lógica que al generalizar las categorías evolutivas diera cuenta del carácter evolutivo y dinámico que caracteriza la naturaleza física, la viviente y la cognitiva.

Por esta razón su perspectiva recupera dentro de una ontología algunas categorías que eran consideradas puramente epistemológicas. Me refiero en particular las que tienen que ver con las “leyes de la mente”. Las leyes de la mente están actuando en todos los procesos materiales. Desde esta óptica se inaugura un rompimiento con la tradición idealista Cartesiana asociada al mecanicismo donde las diferencias entre mente y materia eran llevadas a nivel de la sustancia impidiendo cualquier tipo de integración entre ellas. A medida que la ciencia clásica se preocupaba por descubrir las leyes de la materia se va chocando con una realidad objetiva que posee también un carácter subjetivo (autorreferencial) que no se puede desconocer. Los problemas del sentimiento, la emoción, la dinámica evolutiva de la naturaleza viviente, la cognición, etc. reclaman una investigación sobre los procesos mentales cuya exclusividad antropocéntrica se va dejando de lado para compartirla con todos los seres vivientes y por qué no? derivable de los mismos procesos físicos que dieron lugar a la vida. En ese sentido es bienvenida la legitimación de metáforas aplicables a fenómenos físicos que hacen referencia a la cognición como por ejemplo la planteada en “Los demonios de Maxwell”. El carácter fantástico de esta metáfora no radicaba en la utilización de nociones cognitivas sino en el hecho de que al ser concebida para sistemas cerrados todo tipo de actividad material estaba de hecho impedida. Pero como vimos, la termodinámica de sistemas lejos del equilibrio permite la existencia de este tipo de agentes cuya realidad física se manifiesta de manera palpable en los organismos o sistemas vivientes. La actividad de estos agentes tipo demonios de Maxwell en un sistema abierto obliga a incluir el contexto o las condi-

ciones de entorno para el estudio de su dinámica evolutiva. El conocimiento debe ser contextual, relacional y sintético. El conocimiento se da mediante signos, contextualizados adecuadamente; la interrelación sintética de signos y contextos da lugar al conocimiento[142].

Igualmente, como señala Zalamea[142],

“el conocimiento y una (progresiva) precisión se van generando al ir definiendo contextos y enfatizando en ellos una determinada categoría peirciana”.

En otras palabras el estudio de estas tres categorías en los sistemas vivientes implica ir precisando los contextos de su actividad puesto que su manifestación depende de la interacción sistema entorno.

Estas tres categorías se encuentran sumergidas en la tríada básica del conocimiento: 1. Signo; 2. Objeto; 3. Intérprete. Dentro de esta tríada se integran de manera natural la sintaxis (reglas de manejo de los signos), la semántica (asignación de objetos referentes) y la pragmática (variaciones de los intérpretes).

En los últimos años, la perspectiva de Peirce ha ido ganando aceptación como marco general a ser aplicado y desarrollado en distintas ramas del conocimiento. A continuación, se presenta un ejercicio que busca mostrar la aplicación de las categorías peircianas en el campo de las teorías de la evolución biológica.

3.1. Las relaciones triádicas de Peirce y el pensamiento evolutivo

La emergencia y progreso del pensamiento evolutivo constituye un ejemplo de reconocimiento, aplicación y desarrollo de las tres categorías o maneras de ser de Peirce, que dan cuenta de un modo de razonar creativo y dinámico. Para Peirce la mutación pertenece a la categoría de la *Primeridad*, la herencia corresponde a la *Segundidad* y la selección a la *Terceridad*. Esta apreciación permite investigar la presencia de las relaciones triádicas de Peirce en las principales teorías evolutivas: 1. Lamarckismo, 2. Darwinismo y 3. Neutralismo. A continuación se mostrará como cada teoría se caracteriza por hacer énfasis en una categoría diferente.

Lamarckismo. Lamarck da prioridad a la “fuerza vital” que en un principio actuaba desde afuera y posteriormente se fue interiorizando por

las formas de vida, manifestándose en un impulso o tendencia hacia la “perfección”, siguiendo trayectorias definidas de transformación; esta categoría es asimilable a la *Terceridad* de Peirce. No obstante, la categoría de la *Primeridad* en el esquema lamarckiano se pone de manifiesto en la multitud de circunstancias variantes que destruyen sin cesar la regularidad en la marcha gradual hacia la perfección creciente. Esta causa accidental aparece subordinada a la causa “primera y predominante”, representada en el curso natural de los eventos, o “plan de la naturaleza”, que se manifestaría con mayor claridad de no haberse alterado por las circunstancias. El efecto de estas variaciones azarosas del medio ambiente se puede advertir en las brechas que dificultan la clasificación (el ordenamiento de las series), en las ramificaciones que se desprenden en puntos diversos y en las anomalías observables [143].

La *Segundidad* está representada en las formas de vida tal como existen y que constituyen en sí desviaciones de la tendencia principal, debido al efecto del entorno al cual se ajustan. Sin embargo, para Lamarck únicamente las características secundarias y menos esenciales de las formas vivientes son el resultado de la desviación de la “fuerza vital” por el mundo externo. Las características “internas” más esenciales de los organismos se atribuyen a esta “fuerza vital”. La sobrevaloración a la *Terceridad* en el esquema de Lamarck vuelve a aparecer cuando plantea que el *hábito* gobierna la estructura y no al contrario. Las necesidades del organismo crean nuevos deseos y *hábitos* que por medio del uso de ciertos órganos van dándole forma al cuerpo [144].

Para los naturalistas del siglo XVIII, pese a la cada vez mayor aceptación del mecanicismo, era admisible postular un tipo de inteligencia íntimamente relacionada con el concepto de “fuerza vital”, para explicar el ascenso hacia la perfección en la escala del ser. Lamarck insistía en que la única manera por medio de la cual se podría explicar el hecho de que el ser “más perfecto” se genere a partir del “menos perfecto”, era por medio de una mente o inteligencia inherente a las creaturas vivientes, que podía determinar sus transformaciones. Para Lamarck, el concepto del “fuerza vital” debía plantearse en términos materialistas y residía en el movimiento de los fluidos corporales. Este movimiento, aunque se había generado en las perturbaciones del entorno o medio ambiente, se había internalizado una vez que la organización viviente había alcanzado un grado suficiente de complejidad, lo que hacía depender la inteligencia de los órganos neurales o del cerebro [143]. Lamarck sostiene que las propiedades vitales son el resultado de la

organización y el movimiento orgánico; por tanto, de una manera muy amplia y no exenta de ambigüedades, la mente o *sentimiento interior* era una propiedad inherente a los seres vivientes [144].

En su *Histoire Naturelle*, Lamarck define el *sentiment intérieur*, de la siguiente manera:

“no es una sensación, es un sentimiento muy oscuro, un todo infinitamente excitable compuesto de partes separadas e intercomunicadas, un todo que cualquier necesidad sentida puede excitar, y que una vez excitado actúa inmediatamente, y tiene el poder de hacer que el individuo actúe, en el mismo instante si es necesario. Así, el sentimiento interior reside en la unidad del sistema orgánico de sensaciones, y todas las partes de este sistema están ensambladas en un centro común (hogar). En este centro se produce la perturbación (emoción), que el sentimiento en cuestión puede experimentar, y allí reside también su poder de inducir acción. Todo lo que es necesario para que ello ocurra es que el sentimiento interior sea movido por cualquier necesidad, a partir de la cual pondrá inmediatamente en acción las partes necesarias que deben moverse para satisfacer tal necesidad. Esto ocurre sin que sea necesaria la intervención de ninguna de esas resoluciones que nosotros denominamos actos de voluntad” [143].

Darwinismo. Para Peirce, la teoría evolutiva de Darwin fue la fuente de inspiración que le sirvió para definir las relaciones triádicas [200]. Darwin presenta las variaciones azarosas o *Primeridad* como la fuente original de toda novedad. La *Segundidad* corresponde a la determinación generada por los eventos ocurridos antes, es decir, a la herencia de las variaciones pasadas que se fijaron y ahora confieren regularidad a una línea genealógica de descendencia. La *Terceridad* corresponde a un principio de generalización dado por la ley de la selección natural que elimina los caracteres desfavorables.

Para los naturalistas del siglo XIX, la inteligencia estaba restringida a los humanos e indisolublemente ligada a la actividad cerebral. La inteligencia se haría evidente en la capacidad de seleccionar o escoger. Postular una inteligencia atada a los procesos biológicos era problemático, y Darwin se vio obligado a aclarar su posición en los párrafos previos a su presentación del concepto de selección.

“...Otros han objetado que el término selección implica elección consciente en los animales que se modifican, y aun han sugerido que puesto que las plantas no poseen volición, el término selección no es aplicable a ellas. . . En el sentido literal de la palabra, indudablemente

“selección natural” es una expresión falsa; pero, ¿quién pondrá reparos a los químicos que hablan de las afinidades electivas de los diferentes elementos? Y, sin embargo, de un ácido no puede decirse rigurosamente que elige una base con la cual se combina con preferencia. Se ha dicho que yo hablo de la selección natural como de una potencia activa o divinidad; pero, ¿quién hace cargos a un autor que habla de la atracción de la gravedad como si regulase los movimientos de los planetas? Todos sabemos lo que se entiende e implican tales expresiones metafóricas, que son necesarias para la brevedad... es difícil evitar personificar la palabra naturaleza” [146].

Darwin resuelve el problema afirmando que el concepto de selección natural es metafórico, y haciendo un subsiguiente desarrollo mecánico del mismo al restringirlo a una interpretación dada en términos de la supervivencia del más apto. La idea Malthusiana de selección como supervivencia del más apto descarta cualquier clase de inteligencia *a priori* en las obras de la naturaleza. Sin embargo, las siguientes preguntas, que tocan el aspecto más profundo de la objeción, quedan sin resolver: ¿por qué es difícil evitar caer en una personificación de la naturaleza?, ¿por qué hablar de selección, negando al mismo tiempo la existencia de agentes selectores?, ¿cómo se las arregla la naturaleza para someter a un escrutinio permanente y constante las variaciones más diminutas que se presentan en su seno?

Aunque las relaciones triádicas de Peirce se pueden deducir con claridad de la teoría darwinista, la escuela neodarwinista adaptacionista las ha distorsionado al privilegiar un enfoque determinista, que conduce a interpretar cada característica exhibida por los seres vivos como necesariamente adaptativa y, por tanto, como seleccionada por el medio circundante. Al hacer énfasis en la *Segundidad*, los organismos se conciben como entes pasivos, atrapados en sus correspondientes picos adaptativos, hasta que un cambio drástico del entorno o una mutación afortunada les permita iniciar otro proceso adaptativo. Al darse una adaptación completa, los escenarios más probables son la estasis evolutiva, o la extinción.

Neutralismo. La escuela neutralista en los años 70 sobrevaloró la aleatoriedad o la *Primeridad*, distorsionando de este modo las relaciones triádicas. El azar y la deriva se convirtieron en la característica principal de la evolución, dejando un espacio muy estrecho para las mutaciones adaptativas *Segundidad*. El neutralismo deja sin explicación la emergencia de organización y complejidad, puesto que ningún as-

pecto de *Terceridad* fue incorporado a la teoría. La teoría neutralista está fundamentada en los cambios a nivel molecular, y carece de una propuesta sobre la emergencia de los niveles superiores de organización. El neutralismo no se preocupa de las restricciones propias del proceso de desarrollo ontogenético, ni de las restricciones dadas por las condiciones del medio ambiente.

No obstante, el acierto del neutralismo consiste en su rechazo al determinismo, posición congruente con la idea de que una inteligencia laplaciana es físicamente inconcebible. Si el azar es un hecho primario, las descripciones a nivel local deben ser el fundamento de las universales. Por otra parte, la sobrevaloración del azar, manifiesta en la concepción de la naturaleza como un “relojero ciego”, es disparatada, a menos que su accionar se asocie a una capacidad para memorizar y elaborar registros. Ésta es precisamente la aproximación que permiten las interpretaciones del demonio de Maxwell en situaciones lejos del equilibrio.

3.2. Selección y demonios de Maxwell

Con el fin de estudiar los procesos de cambio evolutivo dentro de una perspectiva que recoge los aportes más significativos de la teoría de la información y de la termodinámica, nos introduciremos al estudio de las entidades vivientes como análogos de los demonios de Maxwell, es decir, como agentes organizadores. Se trata de la búsqueda y análisis de conceptos que por su nivel de generalidad permitan su aplicación a cualquier nivel de organización.

El neodarwinismo tiende a considerar la selección como una ley general de aplicación universal que ha dejado como registro los organismos existentes. En este caso, la selección cabe dentro de un esquema mecanicista que no dice nada sobre la actividad de selección como proceso en permanente ejecución. Por otra parte, la selección concebida como consecuencia de la actividad de los organismos podría ayudarnos a comprender por qué podemos hablar de selección sin temor a atribuir a la naturaleza una inteligencia laplaciana. La discusión sobre la analogía entre la selección y los demonios de Maxwell se presenta con el ánimo de intentar describir el proceso de selección como una sucesión de eventos locales en que participan las entidades biológicas como agentes de selección.

Empecemos por recordar que de acuerdo con la segunda ley, un agente selectivo como el demonio de Maxwell no tendría posibilidad física de

existir en un universo que se dirige hacia el equilibrio térmico. Anotemos que el demonio de Maxwell pretende desempeñar el papel de un observador interno que interactúa directamente con las moléculas que intenta separar. Mientras los físicos sostenían la imposibilidad de un agente selector del tipo demonio de Maxwell, los neodarwinistas comenzaban a hacer del principio de selección como supervivencia del más apto el fundamento de la teoría evolutiva. Irónicamente, no hay contradicción puesto que el neodarwinismo al considerar que la selección obedece exclusivamente a presiones externas, no se había planteado la posibilidad de una selección por parte de un observador interno. No obstante, la sola idea de evolución induce a pensar que en la naturaleza viviente ocurre lo que el demonio de Maxwell no puede hacer. Sin embargo, debe ser posible generar una teoría de la evolución que incluya el proceso mismo de la selección como una sucesión de elecciones particulares e inmediatas hechas por los organismos a nivel local.

Como contrapartida, el concepto de selección, en cuanto ley determinista ejecutada desde afuera, fue incorporado en la ciencia ante la carencia de recursos conceptuales que explicaran cómo la naturaleza viviente se las arregla para contrarrestar la degradación entrópica. Entre las causas que explican el auge del seleccionismo externalista figuran:

- a. El desconocimiento de la estructura molecular y de la dinámica interna de los sistemas vivientes, lo que llevó a utilizar la selección ejercida “desde afuera” como único recurso para explicar el orden.
- b. El desarrollo de las aproximaciones estadísticas y probabilísticas a partir de referenciales en equilibrio. Los cambios de frecuencias génicas en las poblaciones, atribuibles a la selección, explicaría cualquier alejamiento de la distribución de equilibrio.
- c. La teoría de la información de Shannon, en la que una estructura determinada se ve como la consecuencia de una serie de elecciones binarias alternativas. Una interpretación poco rigurosa de la teoría de Shannon conduce al error de creer que el número de elecciones binarias necesarias para identificar un mensaje determinado por un observador externo, es equivalente al número de elecciones necesarias para generarlo por parte de un agente endógeno.

3.3. Estructuras y registros de información

Definamos estructura como la configuración o arreglo espacio-temporal, que emerge cuando un conjunto de entidades (subunidades constitutivas) es-

tablecen un tipo definido de interacciones. Las estructuras presentan simultáneamente diversas pautas o grados de orden, es decir, cuando se utilizan como estándares de medición presentan diferentes grados de capacidad clasificadora según el grado de especificación que un observador logre introducir. Esta capacidad clasificadora permite la producción de los registros de su propia dinámica. Observemos el diagrama que representa una estructura 'E' correspondiente a un nivel determinado de organización, donde sus elementos constitutivos 'c' presentan diversos grados de conectividad, dados por las interacciones entre ellos. Dentro de una visión jerárquica, la misma estructura 'E' puede ser vista como elemento constitutivo de otra estructura de orden superior, y a su vez los elementos constitutivos 'c' son estructuras formadas por otros elementos constitutivos de orden inferior, y así sucesivamente. Hay que tener en cuenta las siguientes características:

- a. Los elementos constitutivos de un mismo nivel muestran un espectro amplio de variación y diversidad entre ellos.
- b. No todos los elementos establecen en un momento determinado conexiones claramente reconocibles.
- c. Los patrones internos de conectividad son susceptibles de alterarse, generándose de este modo cambios perceptibles a nivel de la estructura de orden inmediatamente superior.
- d. Dada la existencia de elementos constitutivos con conexiones no definibles, pero con el potencial de establecer conexiones nuevas e imprevistas, se dice que una estructura presenta diversos grados o pautas de orden.

La formulación de un concepto dinámico y jerárquico de estructura es necesaria para expresar la idea de que “el todo es mayor que la suma de las partes”; es decir, para que algo nuevo emerja se necesita una dinámica o una interacción entre entidades. Para cualquier nivel de resolución las entidades son estructuras, mientras que cuando consideramos simultáneamente más de un nivel de organización hablamos de estructura jerárquica (véase figura 3.2).

En este esquema las estructuras son registros generados por medio de las conexiones entre los elementos constitutivos. En este caso, podemos ver a los elementos como símbolos de un sistema de codificación, en el que las reglas de manipulación o sintaxis están restringidas por los niveles superiores de organización y su semántica por las conexiones que establecen. Los

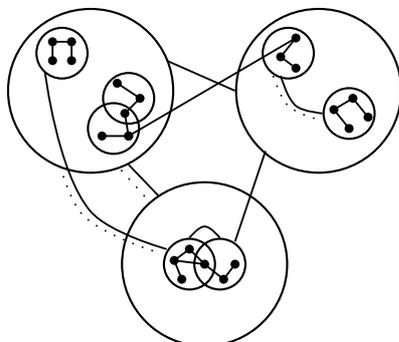


FIGURA 3.2. Hiperestructura o arreglo que esquematiza tres niveles de organización. Al menos tres niveles de organización son necesarios para dar cuenta de la dinámica propia de la organización jerárquica. Cada nivel presenta conexiones entre los componentes consecutivos, a la vez que permite conexiones entre diferentes niveles. La dinámica se genera en los niveles inferiores y las restricciones actúan desde los niveles superiores; el nivel intermedio se da como sede donde convergen estas dos tendencias.

elementos no conectados corresponden a la indeterminación o ambigüedad de la estructura y no son describibles en términos de la lógica aristotélica¹.

3.4. La interacción sistema-entorno: un proceso de medición y registro

La selección supone un agente dotado de la habilidad para distinguir las diferentes alternativas que se le presentan. En la trama de interacciones, los sistemas “reconocen” algunos elementos de su entorno, el conjunto de los cuales constituyen su mundo de experiencia. Estas representaciones del mundo exterior se generan como resultado de señales captadas por medio de sensores o módulos estructurales que muestran algún tipo de afinidad por algunos elementos del entorno; es decir, la capacidad clasificadora es inherente a la estructura. Por medio de la selección los organismos eliminan la confusión dada por la multiplicidad de entidades, creando su propio mundo de interacciones, y de este modo dan forma al mundo circundante.

El concepto de “entropía física” de Zurek permite desarrollar una propuesta que sustenta la idea de los sistemas biológicos como sistemas cognitivos, compatible en términos generales con las teorías del conocimiento de

¹No se aplica el principio del medio excluido.

Piaget y Maturana.

Para Piaget el conocimiento es ante todo acción. El conocimiento no proviene únicamente de la sensación, ni de la percepción, sino de la acción transformadora en la interacción: organismo-entorno [147]. Para Maturana estas interacciones dan lugar a ajustes o modificaciones de la estructura interna que se manifiestan como acoplamientos entre el sistema cognitivo y el mundo de experiencia [54].

El acoplamiento estructural corresponde a cualquier encadenamiento o conexión no aleatoria que se instaure entre dos procesos. Los sistemas no pueden existir sin acoplamientos, puesto que en su ausencia todas las partes constitutivas perderían su coordinación y responderían de manera fortuita a los flujos de energía.

La noción de acoplamiento estructural ha contribuido a la presentación de propuestas teóricas en el campo de las ciencias biológicas y cognitivas. Este concepto explica la “congruencia operacional organismo-entorno” como resultado de un proceso cuya dinámica energética e informacional se deja de lado. Igualmente, las explicaciones dadas en términos de “azar y necesidad”, adolecen del mismo defecto. En este caso se trataría de modificaciones al azar de las entidades interactuantes y de coselección recíproca de las configuraciones respectivas que entran en acople. Por tanto, con miras a profundizar en el aspecto físico de la noción “acoplamiento estructural”, presento un aporte, teniendo en cuenta algunos aspectos de la teoría de la medición de Zurek.[60, 61]

Recordemos que esta parte de la definición de un sistema de referencia, el cual está representado por un agente que tiene bajo su control una máquina térmica. El agente es un sistema observador local interno que busca mediante una serie de operaciones, generar una descripción coherente que le permita desempeñarse. Este agente observador ejecuta mediciones, procesa la información adquirida y usa los resultados para actuar con el objetivo de optimizar la cantidad de trabajo que puede ser realizado. Para estimar la cantidad de energía interna que puede ser convertida en trabajo útil por acción de un demonio de Maxwell, se define la “entropía física”. La entropía física, S , es igual a la suma de dos cantidades independientes. La entropía de Shannon, H (información), corresponde a la ignorancia remanente en el observador sobre el sistema, y K , a la complejidad algorítmica del registro que codifica los microestados detectados, es decir la disminución de la incertidumbre. De donde $S = H + K$.

Propongo que este tipo de aproximación debe extenderse para cobijar procesos de cambio evolutivo desde la perspectiva propia de los sistemas biológicos, independientemente de su nivel de organización.

La selección como proceso activo es consecuencia de una “medición” que permite eliminar grados de incertidumbre sobre el entorno. Por ejemplo, las interacciones entre moléculas se pueden ver como procesos de medición ya que cada sistema expone sus motivos de reconocimiento (proteínas receptoras, sensores, epitopes de reconocimiento etc.) para sondear su entorno. La hipótesis de trabajo que planteo es la de que en cada nivel de la organización jerárquica se dan procesos similares de medición y elaboración de registros.

La medición es equiparable a la imposición de condiciones de frontera o restricciones, para de esta manera disminuir la incertidumbre sobre los estados del sistema objeto de medida. Sin embargo, la interacción (sistema observador-sistema observado) debe generar un registro o conexión específica, el cual es pagado con una perturbación que se transmite a otra parte del sistema, permitiendo la continuidad de un flujo energético. La conexión corresponde a lo que es descriptible, mientras que la perturbación es fuente de la incertidumbre que se transmite y como tal no hace parte del registro.

En otras palabras, la medición y el registro van íntimamente asociados. Además la sola selección es insuficiente, puesto que el agente selector debe estar en capacidad de poder memorizar o grabar la información obtenida. La selección se materializa en el registro. El registro de información, susceptible de una descripción lógica, se constituye en el conocimiento incorporado necesario para vivir y lograr un desempeño adecuado en un entorno determinado. Propongo, en consecuencia, que el registro de la información está asociado con la acomodación o ajuste estructural que se da en el momento de establecer compromisos, tipo “sí o no”, es decir “qué con qué”.

Estos procesos requieren que las estructuras interactuantes estén en capacidad de transferir energía con alta eficiencia, de modo que puedan desarrollar el trabajo físico que implica el acople y ajuste de módulos, es decir, la medición y la elaboración de registros. La medición local promueve la transferencia de energía, generando registros definidos a costa de la producción de inconsistencias, perturbaciones y ambigüedades, algunas de las cuales pueden ser resueltas posteriormente. La medición tiene un efecto dual, por un lado disminuye incertidumbre permitiendo la elaboración de un registro y por el otro genera indeterminación, azar, situación que llevaría a reevaluar el esquema mecánico del darwinismo, en el que la selección es independiente de la generación de la variación aleatoria. En este caso, el hecho mismo de producir una descripción se convierte en causa de la continuidad del proceso.

El conocimiento es, en virtud de lo anterior, actividad; en términos físicos diríamos habilidad para coordinar la liberación de energía requerida para realizar trabajo útil, con la consiguiente generación de registros delimitados y aumento de la incertidumbre.

Veamos qué ocurre durante una serie de mediciones en un sistema en donde hay suficiente capacidad de memoria para almacenar el registro de los resultados. Cada medición modifica las probabilidades de los microestados, y por tanto la entropía de Shannon o la incertidumbre del observador sobre su entorno va disminuyendo. Simultáneamente, el registro de los resultados (microestados detectados) se va incrementando, y como consecuencia, su longitud expresada como complejidad algorítmica aumenta.

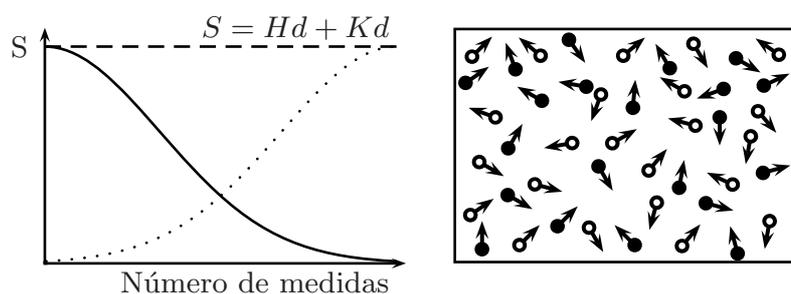


FIGURA 3.3. Imposibilidad de extraer trabajo a partir de un sistema en equilibrio termodinámico, por acción de un observador interno. Variación de la entropía H de Shannon y K , la complejidad algorítmica del registro de una serie de mediciones

Consideremos que un agente observador posee un dispositivo diseñado para realizar un trabajo cuando está sometido a la acción de una corriente o flujo. Para optimizar la extracción de trabajo debe informarse sobre dónde hay que colocarlo; para ello necesita realizar al menos un mínimo número de medidas que permitan, por sondeo del entorno, encontrar el lugar adecuado, es decir, ubicar la corriente o el flujo.

En la cercanía al equilibrio térmico hay una regularidad macroscópica debida a un alto grado de azar microscópico que anula estadísticamente el efecto de las corrientes internas. Por ello no hay región donde este dispositivo pueda extraer trabajo. En otras palabras, las mediciones efectuadas sobre los componentes microscópicos conducirán a un incremento del registro equivalente a la disminución de la entropía de Shannon [60, 61]. El trabajo que se podría efectuar usando el conocimiento derivado de estas mediciones se paga con el costo de borrado del registro, confirmándose que en el equilibrio es imposible obtener trabajo (Véase figura 3.3).

Por el contrario, en la lejanía del equilibrio, donde a nivel microscópico comienzan a emerger fluctuaciones (algunas en proceso de amplificación que dan lugar a flujos macroscópicos definidos), a partir de pocas mediciones se ubica la región en donde puede aprovecharse el flujo para la extracción de

trabajo. Es decir, la complejidad algorítmica (longitud del registro) de los datos adquiridos durante la serie de mediciones será menor que la disminución en la entropía de Shannon [60, 61].

Por consiguiente, se deduce que las fluctuaciones del sistema pueden dar lugar a reacomodos estructurales que operan como registros de información; en este caso, sobre dónde colocar el dispositivo. Puesto que la energía que se consume en la elaboración del registro o en el ajuste estructural es menor que la disminución entrópica, queda suficiente energía disponible para ejecutar un trabajo. En este caso los sistemas sacan provecho de las mediciones; en otras palabras, viven gracias a su actividad permanente de “medición y registro” de su entorno. Vale la pena medir puesto que recompensa con creces, además la elaboración de registros se convierte en garantía de la continuidad del flujo energético a largo plazo (véase figura 3.4).

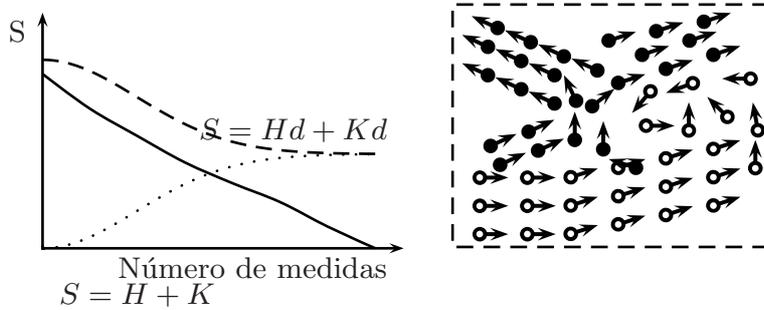


FIGURA 3.4. Posibilidad de extraer trabajo a partir de un sistema lejos del equilibrio termodinámico, por acción de un observador interno. Variación de la H de Shannon y de K, la complejidad algorítmica del registro a lo largo de una serie de mediciones.

Ahora, supongamos que se trata del proceso de generación del mismo demonio; a medida que se ubica en la zona del flujo, va apareciendo el registro como acoplamiento de módulos que dan lugar a la autoorganización y a hacer más compleja su estructura.

3.5. La medición como fuente de determinación y de perturbación

Hemos visto hasta ahora que la medición es la fuente de determinación por cuanto da lugar a los registros que codifican la disminución de incertidumbre, pero en cuanto esta actividad debe ser pagada con incrementos de entropía también es responsable de la mutación y en mayor medida de la perturba-

ción del entorno, dado que para sistemas abiertos $\Delta S_e > \Delta S_i$. El resultado de la acción de los IGUS no debe considerarse como la producción de una zona con decrecimiento local de entropía sino como una explicación del hecho de que los incrementos de entropía en el mundo real siguen la curva de incrementos mínimos o H_{obs} descrita por Brooks (1986). La figura 3.4 muestra la variación en la entropía física de Zurek con el número de mediciones. A medida que la incertidumbre acerca del entorno disminuye (entropía de Shannon H) el tamaño del registro aumenta (complejidad algorítmica K). Lejos del equilibrio el IGUS puede extraer trabajo, entre más corto sea K mayor será el trabajo extraído W . Por tanto W obedece una tendencia de incrementos cada vez más pequeños a consecuencia de la tendencia a maximizar la extracción de trabajo. La figura 1.11 que muestra los incrementos de entropía observada H_{obs} de Brooks a lo largo del tiempo debe concordar con los incrementos de entropía expresados como complejidad algorítmica del registro (K) de Zurek. La diferencia ($H_{max} - H_{obs}$) siempre aumenta como resultado de las acciones del IGUS que tienden hacia la minimización de los incrementos de entropía observados H_{obs} . El agente observador o demonio de Maxwell no puede obtener gratis una descripción probabilística de su entorno inmediato que le permita actuar sobre él sino que debe pagar un precio en términos de entropía disipada. La disipación de entropía en sistemas abiertos bajo restricciones severas es la fuente misma del proceso de registro que se manifiesta en la complejidad algorítmica del registro (K). Si no hubieran restricciones externas ni internas la entropía se disiparía en su totalidad en el entorno manteniendo K en un valor nulo o cero. La existencia de los registros muestra que no hay medición libre de interacciones. La producción de un registro siempre consulta las restricciones internas como las circunstancias externas en el momento en que tiene lugar la disipación entrópica. En un sistema abierto solamente una parte pequeña de la entropía disipada permanece ligada al registro mientras que la mayoría se transmite hacia el entorno en la forma de perturbaciones aleatorias que podrían resolverse en transacciones futuras entre el sistema y el entorno.

La propuesta de Zurek permitiría trazar la historia del propio agente observador desde un estado inicial donde prevalece la entropía de Shannon ($H = 1, K = 0$) a un estado final donde prevalece la información codificada ($H = 0, K = M$) a medida que se ha ejecutado una serie de mediciones. Los valores de información de Shannon desde la perspectiva del propio IGUS son una medida de la probabilidad de reconocimientos analógicos con referentes externos. “ M ” representa el tamaño máximo del registro en un punto hipotético donde la incertidumbre se ha reducido lo suficiente para facilitar las acciones subsiguientes. Se trata por tanto de un modelo que podría utilizarse

para describir las interacciones en términos de reducción de incertidumbre sobre el entorno y registro de algunos microestados conocidos. En consecuencia, este modelo debe permitir deducir su propio proceso de adquisición de información ó epigénesis.

3.6. El problema de la medición

El núcleo de la propuesta de Zurek[60] es la conversión de H en K y su formalización (reducción a reglas sintácticas) fue hecha para sistemas como gases de Boltzmann o conjuntos idealizados de partículas².

La extrapolación del IGUS de Zurek a sistemas vivientes muestra que la conversión de H en K no es formalizable, puesto que siempre existirá un conjunto indefinido de motivos que potencialmente podrían ser registrados por el agente observador. Mas aún, este tipo de agentes semióticos proveen de un principio de coordinación al tomar la decisión sobre cuando debe terminar el proceso ya que las operaciones de medición y registro no pueden continuar indefinidamente. La creación del nuevo registro K involucra la interiorización parcial de referentes externos por medio de la modificación y reorganización de los registros anteriores de acuerdo con las interacciones que se establezcan con el entorno. El paso de H a K es el producto de una decisión tomada por el agente cognitivo o IGUS [148], este fenómeno pone de manifiesto la imposibilidad formalizar su actividad o de explicarla en términos de reglas sintácticas.

Es decir la analogía entre demonios de Maxwell y seres vivos, no nos ayuda a resolver las siguientes preguntas:

1. ¿Cómo escogen los sistemas vivientes los dispositivos que utilizan para capturar la energía?
2. ¿Cómo seleccionan los patrones de medición con los cuales han de sondear su entorno?
3. ¿Qué elementos del entorno van a constituirse en el conjunto de observables?

²En este caso la conversión de H en K es posible teniendo en cuenta que para un número pequeño de microestados tiene que añadirse un factor de corrección relacionado con la longitud del programa que describe el computador que ejecuta las operaciones de medición y registro. K representa datos objetivos aunque su longitud no depende exclusivamente de los datos registrados sino también de la capacidad de procesamiento y discriminación propia del computador.

4. ¿Hasta cuándo debe ir el proceso de medición?
5. ¿Cómo deciden que la medición se ha completado?
6. ¿Cómo saben que la información recibida es suficiente?
7. ¿Cuándo un registro codificado, en forma de una secuencia de símbolos, adquiere significado?
8. ¿Cómo se interpretan los registros de información?
9. ¿Cómo definen los sistemas vivientes la acción a ejecutar?

Estas inquietudes están relacionadas con la actividad cognitiva propia de un sistema material que es irreducible a las leyes mecánicas, puesto que la elección de las varas de medición impone de hecho una restricción sobre los aspectos del mundo exterior que se tienen en cuenta. Pero la elección misma de la vara de medición no es formalizable.

Ninguna de las conclusiones del trabajo de Zurek permite resolver estas preguntas; más aún, su propuesta de demonios de Maxwell es sólo una representación limitada de un observador interno, por cuanto no insiste en la indeterminación que se genera o transmite a consecuencia de la observación. Para él la medición genera azar, pero se refiere al azar dado por la complejidad algorítmica del registro, no a la perturbación que se transmite. Si bien el registro en su forma comprimida es aleatorio en términos de Chaitin, dentro de la hipótesis que estoy proponiendo estos registros corresponden justamente a las estructuras acopladas o microestados seleccionados, es decir que son ordenados. En otras palabras a nivel de los registros se presenta una simultaneidad entre aleatoriedad y orden, equivalente a la complementariedad de Bohr en términos de la incompatibilidad de las descripciones interna y externa cuando se examinan simultáneamente.

La capacidad de extraer trabajo es consecuencia de la existencia de regularidades en los microestados del entorno objeto de medición, aunada a la habilidad del agente observador para codificarlos en forma de un registro comprimido. Esta habilidad depende de la capacidad clasificadora del sistema observador, que logra ver regularidades entre el ruido de fondo, de acuerdo con las regularidades de sus patrones o motivos internos. Por consiguiente, las mediciones anticipan las regularidades del exterior, existiendo una tendencia a encontrar patrones con los cuales el sistema está familiarizado. Por esta razón, no puede haber medición objetiva. Los procesos de “medición” captan y registran del mundo externo solamente aquello que es

relevante para el observador, es decir, lo que se convierte en signo para un agente interpretante.

Como decía Protágoras, el hombre es la medida de todas las cosas. Si dejamos de lado el carácter antropocéntrico de esta formulación, tenemos que cada sistema o agente observador es la medida de su mundo circundante. Por tanto, para superar las limitaciones dadas por la analogía de los sistemas vivientes con los demonios de Maxwell, se debe incluir algún tipo de capacidad interpretativa o semiótica en términos de Peirce.

El nivel semiótico subyacente es, como tal, irreducible a las leyes físicas, porque la elección del patrón de medida por el sistema observador necesariamente delimita los aspectos del mundo externo que son tenidos en cuenta y los que deja por fuera (véanse figuras 3.5, 3.6, 3.7, 3.8). La elección de patrones y escalas de medida define las regularidades que los organismos pueden incorporar dentro de su mundo de experiencia en forma de descripciones ordenadas, con sentido y comprensibles del mundo externo. En este sentido y solamente en éste, la vida es una estructura irreducible que impone condiciones restrictivas de frontera a las leyes físicas y químicas [84]. Por supuesto, se puede objetar que la medición no requiere seres inteligentes, que por ejemplo el entorno actúa constantemente ejecutando mediciones sobre los sistemas. No obstante, esto depende de si queremos restringir la capacidad de observación y medición a agentes humanos, o si por el contrario la atribuimos a cualquier entidad viviente. En todo caso, resulta paradójico hablar de selección mientras se niega la existencia de agentes selectores internos.

La naturaleza, como agente idealizado de selección, actuaría de acuerdo con leyes invariantes, hecho que deja sin explicar cómo pueden producirse descripciones lógicamente coherentes, a menos que la consistencia se asuma *a priori*. Dicho de otro modo, resulta inadecuado hablar de selección sobre los resultados sin decir nada acerca del proceso mismo de selección. En otras palabras, las descripciones cuantitativas que hace la ciencia requieren de procesos previos de medición que producen un número (secuencia de símbolos) para una serie de parámetros predefinidos. Sin embargo, detrás de cualquier medición hay una decisión de tipo cognitivo que, como tal, no es describable en términos físicos. Esta decisión concierne qué, con qué, cómo y para qué medir.

El asunto de si la descripción de un proceso autoorganizante puede ser reemplazada por una descripción simbólica es un problema epistemológico de gran profundidad. Para un observador externo una medición termina cuando hay resultados registrados en una secuencia de símbolos (números), pero un observador externo no necesita utilizar los resultados para producir

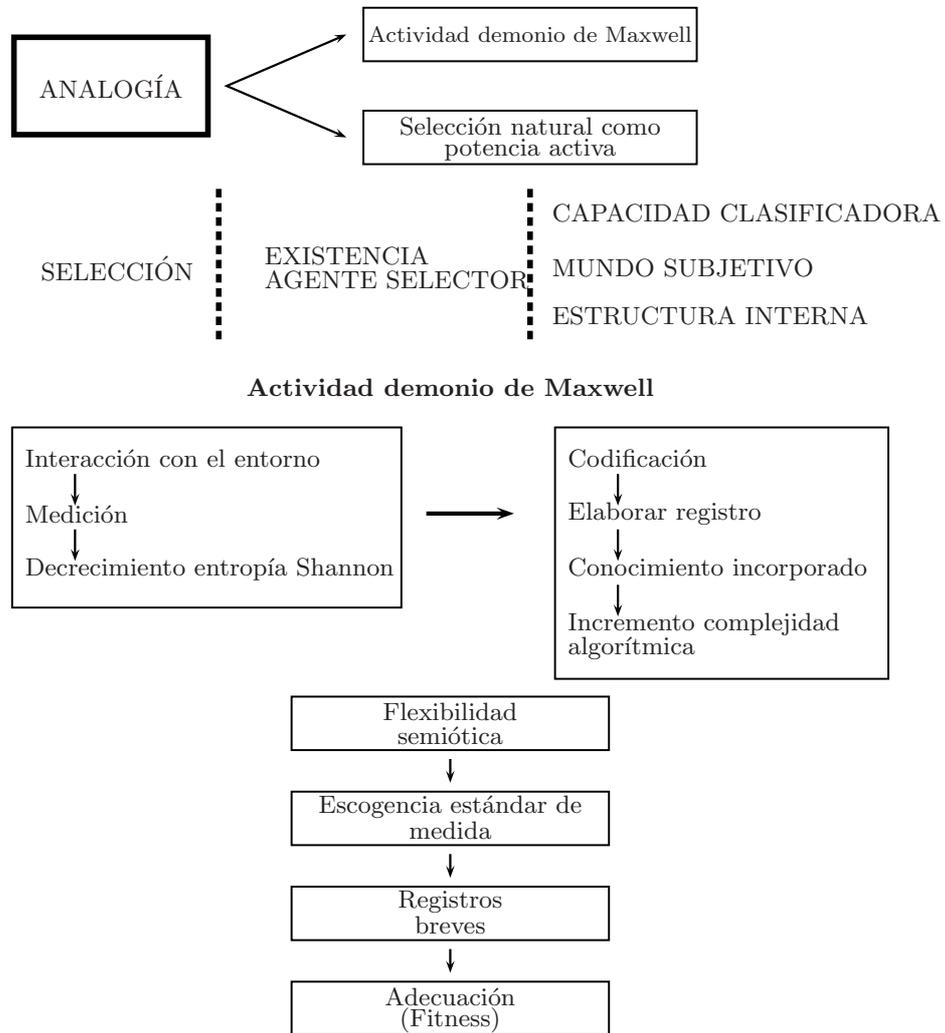


FIGURA 3.5. Esquema que representa la analogía entre el demonio de Maxwell y la selección.

cambios funcionales en el sistema objeto de medida. Por el contrario, en el caso de un observador interno la información adquirida, durante la evolución biológica por ejemplo, se utiliza para sobrevivir; de no ser así no podríamos atribuir función, adecuación o significado a las estructuras. La funcionalidad de la medición no puede entenderse por medio de una descripción física del instrumento de medida, aunque esta descripción sea lo más completa,

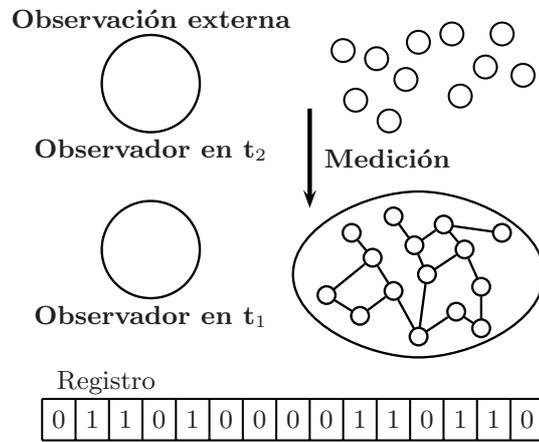


FIGURA 3.6. Proceso de medición externa

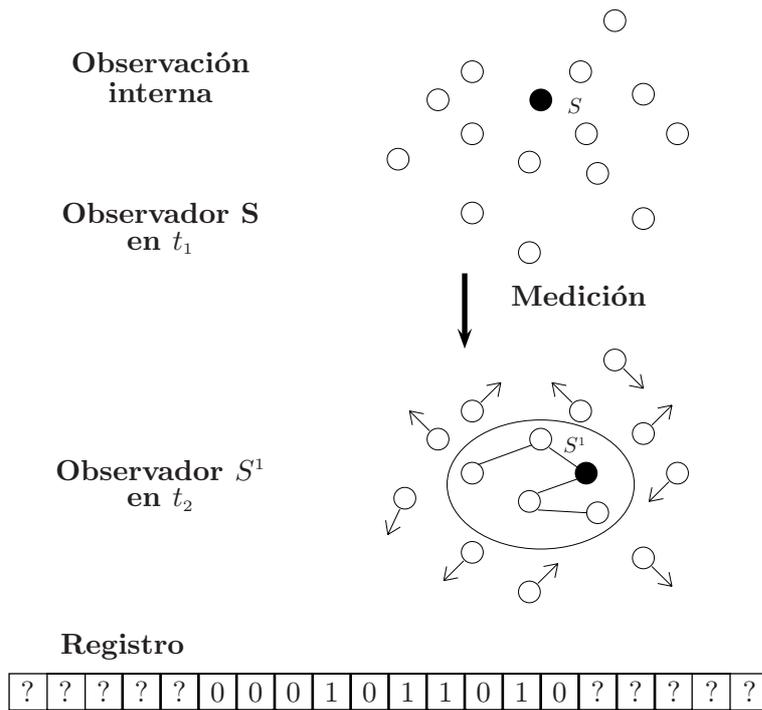


FIGURA 3.7. Proceso de medición interna

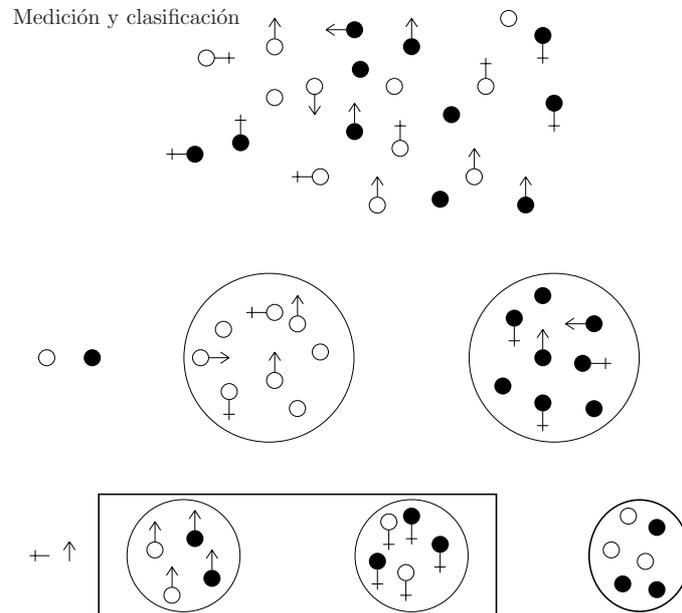


FIGURA 3.8. Ejemplos de medición en los que se utilizan diferentes tipos de varas de medida. Los sistemas de clasificación dependen de la vara de medida escogida

detallada y correcta posible. De acuerdo a Patte[87], un instrumento de medición es descriptible como un sistema físico, pero su funcionamiento como aparato de medición requiere una descripción del sistema observador que como tal no es derivable de la descripción física.

Las varas de medición se escogen a través de un proceso no formalizable por medio de una lógica demostrativa. Una vez utilizadas, presentan un mayor o menor grado de adecuación según permitan la elaboración de un registro más o menos comprimido. Por medio de mutación y selección, podemos imaginar un proceso de optimización funcional hacia una mayor adecuación del motivo estructural empleado por el organismo como “vara de medición”. La selección de una vara de medida de alta adecuación que permite generar descripciones comprimidas está dada por la acción del nivel de organización jerárquica inmediatamente superior, ya que la compresión de información se hace posible por la emergencia de esquemas o patrones de representación que permiten prescindir de algunos detalles, puesto que el contexto provee la información faltante. Es decir, la compresión de infor-

mación está asociada a la emergencia de nuevos niveles de organización. No obstante, una vez que se obtiene una descripción comprimida no hay manera de saber si puede llegar a comprimirse aún más [59].

Epistemológicamente es necesario insistir en la complementariedad entre las leyes físicas y las mediciones. Los mecanicistas tratan de evitar esta ruptura epistémica al considerar la información como algo objetivo y cosificado que existe en el mundo físico independientemente de los sistemas observadores. Este punto de vista facilita la obtención de descripciones físicas de los sistemas sin preocuparse de su funcionalidad y aplicabilidad en los procesos de construcción, medición, predicción y regulación. Este modo de utilizar la información, aunque sea consistente con las teorías físicas, no tiene sentido para los sistemas biológicos que han sido seleccionados por su funcionalidad y significación. La función y el significado no son propiedades intrínsecas de las estructuras sino que surgen por acción de la selección; es decir, así como la medición requiere un proceso previo de selección por parte del observador, la generación de función y significado biológico también precisan de la selección natural.

3.7. Desarrollo de las categorías peircianas según propuestas termodinámicas y evolutivas

David Bohm plantea que “todo tiene que ver con todo” y que no podemos hablar de entidades físicamente separables [8]. Sin embargo, no todo actúa o influye de la misma manera, no todo está conectado con la misma intensidad. El patrón de conectividades “todo con todo”, presenta jerarquías de intensidad en las conexiones; por ejemplo, los modelos de aprendizaje mecánico del tipo redes neuronales trabajan con diferentes grados de intensidad en las conexiones.

Kauffman sostiene que los sistemas representados como redes booleanas con un grado de conectividad de 2, presentan patrones ordenados. Los sistemas con grados mayores de conectividad presentan un comportamiento caótico donde no hay patrones claramente definibles. Los sistemas altamente cohesionados, modelados como redes booleanas en donde todos los elementos están conectados entre sí, exhiben un comportamiento muy caótico e imprevisible, en el que las perturbaciones pequeñas producen cambios masivos. La capacidad de evolucionar estaría dentro del régimen ordenado al filo del caos, es decir, para grados de conectividad relativamente bajos de 2, 3, 4 o 5 [120].

¿Qué es lo que está conectado, si no son “entidades separables” cuya

individualidad es relativa a sistemas de referencia y discriminación particulares?. Nada podemos afirmar de la naturaleza ontológica de estas entidades, puesto que las afirmaciones que se hacen corresponden exclusivamente a la esfera de las interacciones. La individualidad, desde el punto de vista del observador, aparece en el límite de su capacidad clasificadora. Un observador interno puede discriminar entidades insospechadas para uno externo y viceversa. Como diría Whitehead, las “entidades” no son nada en sí mismas puesto que ellas se dan en la interacción con otras, ellas son impensables y carecen de sentido si cortamos sus relaciones con el resto del mundo. No hay nada en el universo que pueda presentarse como una realidad independiente [149]. Los patrones de conectividad expresan el hecho de que las “entidades” tienen que interactuar para poder existir, manteniendo la continuidad del flujo energético.

3.7.1. Potencialidad y actualidad en el establecimiento de las conexiones

Primeridad, neutralidad y entropía.

Para comprender la dinámica propia de las interacciones, es importante comenzar por describir qué “ocurre” en su “ausencia” (véase figura 3.9). La ausencia de acoplamientos se manifiesta en los motivos que exhiben alta variabilidad, neutras o sin restricción funcional aparente desde el sistema de referencia. Este fenómeno es equiparable a los describibles por la teoría neutralista de Kimura. La existencia de este fenómeno pone de relieve la autonomía e independencia relativa entre los distintos niveles de la organización jerárquica, como la observada en la falta de correlación entre el reloj molecular y la evolución morfológica, la cual es expresión del hecho de que cuando niveles adyacentes de organización están acoplados, no todos los elementos constitutivos de cada nivel participan del acoplamiento.

En la ausencia de conexiones, las entidades son lo que son por sí mismas; carecen de significación dada la ausencia de referentes y, al estar libres de toda restricción, despliegan toda su potencialidad. Esto sería una realización particular de la categoría que Peirce define como *Primeridad* [150].

Ahora permitámonos una reflexión, tomada de la mecánica estadística, que introduce una distinción entre macroestado y microestado, según las escalas en que puede ser abordado el sistema. Según Boltzmann $S = -K \log_n W$ donde K es una constante y W el número de mi-

croestados compatibles con un único macroestado. Igualmente, para sistemas organizados, un determinado nivel de organización, por ejemplo morfológico, puede ser compatible con numerosos estados posibles a nivel de secuencias génicas; a un fenotipo pueden corresponder diversos genotipos; a una misma estructura tridimensional proteica pueden corresponder diversas secuencias primarias; a nivel del código genético, a un mismo aminoácido corresponden más de un codon; etc. (véase tabla 3.1)

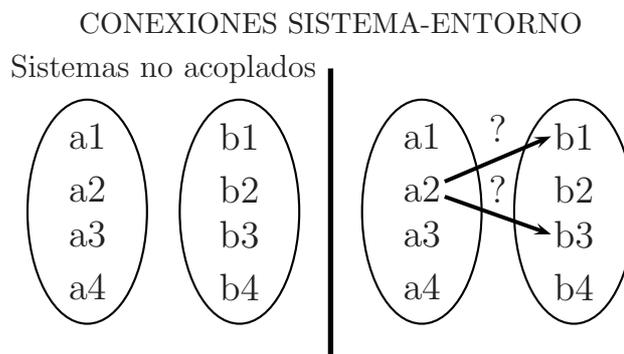


FIGURA 3.9. Ausencia de acoplamientos sistema-entorno. La elaboración del registro es imposible porque todavía hay vaguedad en el sentido de que no se puede predecir si se va a establecer acople ni, en caso de hacerlo, que tipo de acople sería.

La teoría neutralista de la evolución se originó a raíz de esta última observación. Dada la degeneración del código, hay una gran cantidad de mutaciones silenciosas que en nada afectan la estructura primaria de las proteínas, y por tanto son indetectables a nivel macro o fenotípico por la selección natural. En otras palabras, a una escala micro el análisis molecular muestra un gran universo de variación compatible con los sistemas macro. A partir de estas consideraciones, se deduce la correspondencia entre neutralidad y entropía. Una de las dificultades para ver esta relación radica en el hecho de que los modelos clásicos propuestos para la formulación de la entropía son sistemas cerrados de gases en expansión o máquinas de vapor que a primera vista nada nos dicen sobre los sistemas vivos. No obstante, los seres vivos son sistemas termodinámicos por excelencia, abiertos y lejos del equilibrio que no escapan a la segunda ley. El incremento permanente de entropía se manifiesta no sólo como disipación de calor, sino que parte

permanece ligada al sistema. Esta última se manifiesta como mutación o errores de replicación que conducen a la aleatorización de las estructuras existentes; por ejemplo, la entropía ligada al sistema es fuente de error en el proceso de copiado del DNA, dando lugar a mutaciones. Es decir, la entropía se convierte en fuente de variabilidad y por tanto se constituye en potencial evolutivo.

TABLA 3.1. Código genético

UUU	Phe	UCU	Ser	UAU	Tyr	UGU	Cys
UUC	Phe	UCC	Ser	UAC	Tyr	UGC	Cys
UUA	Leu	UCA	Ser	UAA	Stop	UGS	Stop
UUG	Leu	UCG	Ser	UAG	Stop	UGG	Trp
CUU	Leu	CCU	Pro	CAU	His	CGU	Arg
CUC	Leu	CCC	Pro	CAC	His	CGC	Arg
CUA	Leu	CCA	Pro	CAA	Gin	CGA	Arg
CUG	Leu	CCG	Pro	CAG	Gin	CGG	Arg
AUU	Ile	ACU	Thr	AAU	Asn	AGU	Ser
AUC	Ile	ACC	Thr	AAC	Asn	AGC	Ser
AUA	Ile	ACA	Thr	AAA	Lys	AGA	Arg
AUG	Met	ACG	Thr	AAG	Lys	AGG	Arg
GUU	Val	GCU	Ala	GAU	Asp	GGU	Gly
GUC	Val	GCC	Ala	GAC	Asp	GGC	Gly
GUA	Val	GCA	Ala	GAA	Glu	GGA	Gly
GUG	Val	GCG	Ala	GAG	Glu	GGG	Gly

Igualmente, la *Primeridad* corresponde a la vaguedad e indefinición que existe antes de la medición y elaboración de registros, pero también corresponde a la perturbación transmitida o creada a consecuencia de un proceso interno de medición. La aleatoriedad es constitutiva y primaria. En cuanto a la formulación de una hipótesis sobre la generación constante de azar, la propuesta provisional está en la perturbación permanente que generan los procesos de medición local, o sea que la

diversidad existente no sólo proviene de las fluctuaciones de las condiciones iniciales, sino sobre todo de las que se siguen dando como resultado de los procesos inmediatos de medición.

Segundidad, adaptación, aparente decrecimiento local de entropía.

El establecimiento de acoples sistema-entorno es consecuencia de los procesos de adaptación y selección, y define de este modo la relación: estructura-función. Los motivos acoplados corresponden a aquellos que han adquirido restricción funcional y se manifiestan en los motivos conservados evolutivamente. Este proceso adaptativo es análogo a la creación de significados, debido a la incorporación de características externas en forma de representaciones interiorizadas por el interpretante. Corresponde al campo de lo determinista, lo causal y predecible; es el dominio de la *Segundidad* [150]. Por otro lado, tenemos que, a consecuencia de la selección, las distribuciones estadísticas se alejan de la aleatoriedad; unas estructuras se hacen más probables que otras, lo cual puede interpretarse como una disminución local de entropía. Por ejemplo, si poseemos un sistema replicante de moléculas de RNA sin ningún tipo de restricción y con alta tasa de error, con el tiempo cualquier secuencia podría aparecer con igual probabilidad, pero cuando se aplica una condición selectiva, con una tasa de error que no sobrepasa el umbral crítico, se observa la aparición de moléculas que varían en torno a una secuencia patrón claramente identificable (cuasi-especie). (Ver figura 3.10)

La *Segundidad* permite la formalización, puesto que en el establecimiento de conexiones se elimina ambigüedad (Ver figura 3.11).

Una vez que tenemos sistemas interactuantes, debido al acople estructural entre algunos de sus elementos constitutivos, los siguientes procesos pueden ocurrir:

- a) Posibilidad de establecer nuevos acoples. La aleatoriedad ontológica *per se* es indefinible, cualquier evento puede ocurrir. Sin embargo, las variantes neutras corresponden a motivos “suelos” o “indefinidos”, que eventualmente pueden participar en un proceso de medición a través del cual pueden entrar a formar parte del registro, estableciendo un nuevo tipo de interacciones. En este momento aparece una función dejando su condición de neutra (no formalizable) y pasando a ser una característica selectiva (formalizable). Puesto que tanto el sistema como el entorno son alta-

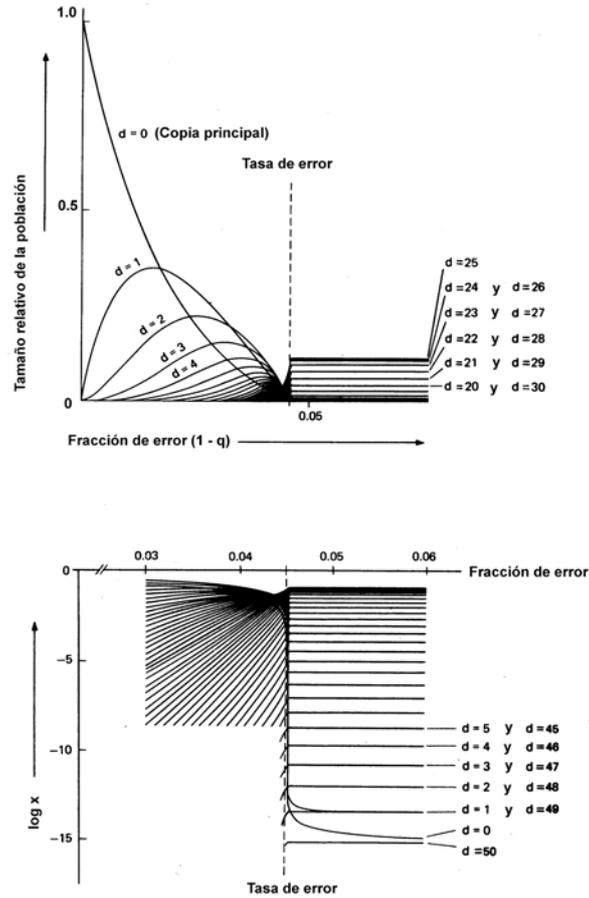


FIGURA 3.10. Catástrofe por error. Modelación de un sistema de macromoléculas de RNA replicante de acuerdo con los siguientes parámetros: N = número de nucleóticos = 50, K = número de nucleótidos (purina o pirimidina). Fidelidad de la replicación = 95%. Tasa de error = 0.05. D = distancia de Hamming o número de mutaciones con respecto a la secuencia maestra original. Cuando la tasa de error es cero hay selección de la secuencia original, pero a medida que se incrementa la tasa de error la población de la secuencia original disminuye rápidamente encontrándose más especies mutantes. Los mutantes se distribuyen de manera uniforme alrededor de la secuencia original. Cuando se alcanza el umbral de error (0.05%), el patrón cambia repetidamente y la secuencia silvestre original se pierde [41].

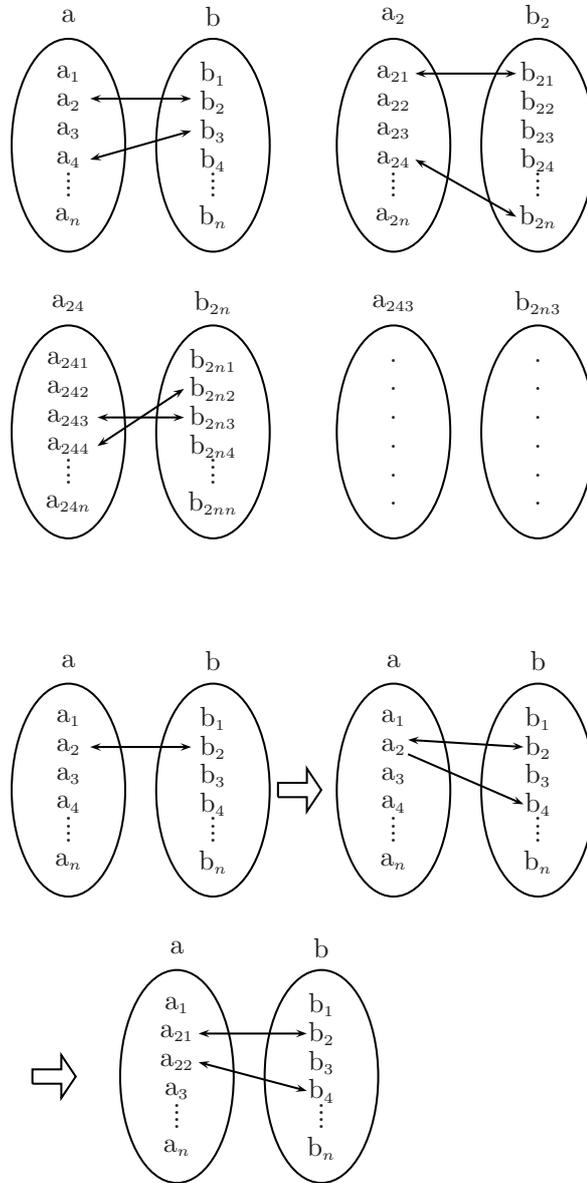


FIGURA 3.11. Jerarquía de las conexiones sistema-entorno. Las estructuras o módulos acoplados tienen alta restricción funcional. Las estructuras o módulos no acoplados corresponden a características neutras.

mente organizados, cuando se establecen interacciones un nuevo dominio de posibilidades emerge.

- b) Discriminación gruesa seguida de duplicación de la estructura y especialización con afinamiento de la capacidad clasificadora. Cuando un sistema distingue un motivo estructural del entorno puede eventualmente incluir dentro de su órbita de experiencia motivos estructurales similares. Si a partir de este reconocimiento se sigue la optimización relativa de una función, puede llegar a una discriminación más fina por especialización del sistema de reconocimiento a partir de la duplicación de la estructura de partida, sin pérdida de la función original. La duplicación génica descrita por Ohno[151], apenas es un caso particular de este principio general (véase figura 3.12).

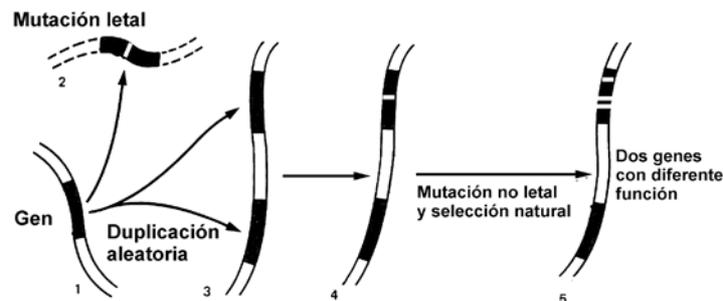


FIGURA 3.12. Duplicación génica de Ohno

- c) Exaptaciones: cuando una estructura seleccionada previamente desempeña una función determinada, al relajarse las condiciones selectivas iniciales puede ser cooptada por un proceso de selección diferente, dando como resultado un nuevo uso o funcionalidad [152] (véase figura 3.13).
- d) Existen acoplamientos que pueden comprometer a varios niveles de la jerarquía. Ejemplos: la presencia del retrovirus del SIDA que repercute incluso a niveles de comportamiento social y político; o la interacción parásito-hospedero, que supone la interacción entre células, y ésta la dada entre proteínas de superficie y receptora, o entre epítopes de reconocimiento y motivos receptores, etc.
- e) Constancia de los acoplamientos más antiguos. La definición de

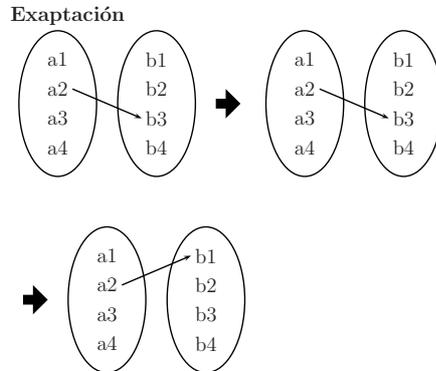


FIGURA 3.13. Conexión sistema-entorno. Exaptación

los patrones estructurales arcaicos requirió compromisos más severos. Los acoplamientos más antiguos están congelados debido a que sobre ellos se ejercen mayores restricciones procedentes de los niveles superiores de organización. Eliminar estos acoplamientos arcaicos sería equiparable a un borrado casi total de la información, lo cual acarrearía la desestabilización completa de los sistemas que hasta ahora han evolucionado. Igualmente, las mutaciones en estas estructuras arcaicas harían inviables los sistemas que han evolucionado a partir de ellas. Ejemplos de estructuras arcaicas: el código genético, la maquinaria de replicación y síntesis proteica; las primeras etapas de la ontogenia; los caracteres que definen las formas propias de los grupos taxonómicos de alto rango (filum, clase y orden).

- f) Pérdida de acoplamientos recientes. Los compromisos o ajustes más recientes pueden perderse dejando intactos los acoplamientos arcaicos. Por ejemplo, los motivos estructurales comprometidos en los procesos de neotenia, paedomorfosis³, los patrones propios de las últimas etapas de la ontogenia o las características que definen a los grupos taxonómicos a nivel de especie, género y familia. La pérdida de acoplamientos (borrado parcial de in-

³En la paedomorfosis las características del ancestro juvenil son retenidas por el descendiente adulto. En el caso de la neotenia, el desarrollo somático está retardado con relación a la maduración reproductiva. Por ejemplo, en la salamandra axolotl muchas características del estado larval se mantienen de manera que el axolotl maduro es acuático y parece una larva gigante.

formación) es un fenómeno que acompaña la aparición de nuevas rutas evolutivas.

- g) Creación de nuevas zonas de estabilidad que pueden dar lugar a entidades variantes, algunas de las cuales pueden establecer con posterioridad nuevos tipos de acoples. Ejemplo: el origen de la célula eucariótica por endosimbiosis⁴ intracelular de acuerdo a Margulis.
- h) Entre entidades filogenéticamente distantes sometidas a redes de interacción similares pueden establecerse soluciones análogas dadas por acoplamientos funcionalmente equivalentes. Las homoplasias (similitudes producidas de manera independiente en ausencia de un ancestro común) nos remiten a las leyes generales de las redes de interacción. Estas, lejos de ser excepciones son expresión de reglas y leyes derivadas del comportamiento de sistemas de interacción complejos, donde se realizan compromisos entre factores externos (funcionales, restricciones del medio) y factores internos (genéticos, estructurales, estados que pueden asumir los caracteres).
- i) El aprendizaje se da por la modificación de los patrones de conectividad como resultado de la experiencia. Esto incluye tanto el establecimiento de nuevas conexiones (paso de lo neutro a lo selectivo), como la disolución de conexiones existentes (paso de lo selectivo a lo neutro). Igualmente, el aprendizaje puede darse por modificación de la fuerza o intensidad de las conexiones, como en el caso de las redes neuronales.

3.8. La adaptación biológica

El entorno o mundo de experiencia se va construyendo a consecuencia de la actividad ejercida por los agentes observadores. La representación de los organismos como análogos a los demonios de Maxwell permite comprender la afirmación de Goodwin en el sentido de que los sistemas biológicos llevan

⁴Teoría según la cual las células eucarióticas se formaron por la unión de varias células procarióticas. Según Margulis, la endosimbiosis comenzó con la ingestión de una célula procariótica capaz de respirar oxígeno por una célula fermentadora, de la cual se derivaron las mitocondrias. Posteriormente, tuvo lugar la incorporación de otra célula procariótica, una espiroqueta, dotada de un sistema de motilidad de la cual se derivaron los flagelos y los cilios. Cuando se integraron células del tipo algas fotosintéticas, aparecieron los cloroplastos.

incorporada (interiorizada) una representación de su entorno creada según su experiencia durante la evolución [153]. A lo largo de la evolución, tanto los organismos como sus entornos se han ido construyendo por “elecciones” [154], o “afinidades” recíprocas, dando lugar a la concordancia funcional. La estructura es el registro de las elecciones hechas a lo largo de la filogenia. La incorporación por parte de los organismos de descripciones abreviadas del mundo externo no menoscaba en nada la idea de la autorreferencia. Decir que los organismos son autorreferentes indica que cada uno de ellos es en sí mismo el producto de una experiencia evolutiva determinada, un modo de vivir, de hacerse a la vida, una experiencia propia y diferente a la de los otros.

La estrecha relación organismos-entorno dificulta entender en qué sentido se ejerce la selección. ¿“qué” selecciona “qué”? o mejor, ¿“quién” selecciona a “quién”? ¿“quién” mide a “quién”? ¿“quién” reconoce a “quién”? Estas preguntas nos plantean el problema de si hay o no bilateralidad en la medición. La perspectiva internalista acepta esta bilateleridad y reciprocidad, puesto que se da entre entidades pertenecientes al mismo nivel de organización, mientras que la externalista es unilateral por que expresa las determinaciones impuestas desde los niveles superiores.

Siempre que dos sistemas interactúan, si ellos se reconocen el uno en el otro, se abre un abanico de posibilidades insospechadas que va confiriendo direccionalidad a la evolución. Igualmente, como resultado de la interacción se acentúa recíprocamente la discriminación de algunos rasgos. En el nivel molecular este fenómeno podría equipararse con la complementariedad inducida, enzima-substrato, postulada por Koshland más que con la imagen clásica llave-cerradura (véase figura 2.3).

En consecuencia, todo ocurre “como si” el organismo y el entorno, en palabras de Bohm, se desplegaran simultáneamente [8]. Se trata de la sincronidad, que lejos de verse como *armonía preestablecida* [155], sería por el contrario el resultado de una permanente construcción evolutiva en la interacción recíproca. Lo único preestablecido sería una suerte de tendencia universal a disipar energía buscando su concreción, conectándose y estructurándose. Por tanto, sería legítimo pensar en la existencia de una gramática universal que define las reglas más generales de las interacciones, siendo azarosa y contingente la secuencia particular de las mismas.

Sin embargo, la contingencia de los procesos evolutivos expresa que la interacción entre ellos es impredecible, dada la complejidad de los procesos que intervienen, y que las posibilidades de exploración de significados son prácticamente infinitas. Por otro lado, la incertidumbre remanente en el observador sobre el estado de los sistemas hace que el azar tenga una incuestio-

nable legitimidad heurística. Surge entonces la pregunta: ¿cómo distinguir entre el azar ontológico, propio de la *Primeridad*, la incertidumbre remanente en el observador y la indefinición resultante de los procesos locales de medición? La pista para resolver esta inquietud tiene que ver con el hecho de que los observadores son sistemas físicos que ejecutan mediciones y registran información. En este caso, la incertidumbre en el observador y la falta de definición resultante de los procesos locales de medición son equivalentes al azar ontológico. Los sistemas naturales, como agentes naturales que hacen mediciones no necesitan alcanzar una certeza absoluta; además, a lo largo de las mediciones interfieren con otras entidades de su misma escala generando fluctuaciones azarosas. Se suscita en consecuencia una relación causal entre la descripción de los procesos y el azar intrínseco a la dinámica de los mismos.

La relación organismo-entorno en el proceso evolutivo habría que estudiarla en varios niveles:

1. De acuerdo con Prigogine, el entorno está preñado de un potencial generativo muy grande y actúa facilitando los diversos flujos de energía, de materiales (nutrientes), que hacen posibles los procesos de autoorganización biológica [12]. Se trata de la emergencia del orden a partir del caos.
2. Para Waddington, el entorno actúa a lo largo de los procesos de desarrollo induciendo corrimientos del programa epigenético que puede dar lugar a variaciones fenotípicas[19, 156].
3. Según Darwin, el entorno opera sobre el producto final (los organismos), a nivel de la población. En este caso, se trata de las llamadas presiones de selección impuestas por las condiciones externas.
4. Para Levin y Lewontin, los organismos controlan sus propias condiciones de evolución y selección a través de la modificación permanente de su entorno [157].
5. El bucle se cierra si consideramos que los organismos son también el entorno de otros. En este caso, los organismos como agentes observadores internos generan constantemente perturbaciones que se manifiestan en los desafíos que deben enfrentar los otros organismos.

3.9. Origen de las variaciones evolutivas

Los seres vivos son sistemas materiales que sienten y experimentan su entorno y están intrínsecamente dotados de una propensión a interactuar en respuesta a sus intereses por la extracción de energía utilizable. Esta actividad se puede estudiar parcialmente como un proceso de medición y registro. Aunque el sentimiento es irreducible a un proceso de medición, intentar una reducción se justifica con el fin de obtener una formalización parcial derivada un fenómeno subjetivo más amplio que incluye sentimiento, propósito y experiencia. Los agentes semióticos tipo demonios de Maxwell expresan la relación entre ellos mismos y un entorno externo parcialmente descriptible en la forma de un registro digital. Las metas subjetivas no son formalizables por cuanto ellas tocan la misma fuente impredecible de interacciones con referentes externos. El sentimiento, la experiencia y la capacidad para interactuar tienen un alcance mucho más amplio y constituyen una condición *a priori* de la medición. No obstante, el hecho de representar las interacciones como mediciones ayuda a formalizar lo que puede formalizarse y al mismo tiempo contribuye a aclarar el problema de cómo se realiza la codificación. Las mediciones no ocurren en el vacío y no se ejecutan por agentes inmateriales, por el contrario, las mediciones ponen en evidencia que los seres vivos están sometidos al desafío permanente de las circunstancias inmediatas y concretas. Las mediciones son ejecutadas por entidades físicas que poseen dos características complementarias:

1. Patrones de organización ó estructura interna que confieren un sistema formal mínimo (conjunto de reglas sintácticas que gobiernan las interacciones y la manipulación de referentes externos y el rearrreglo de los componentes estructurales).
2. Apertura a las circunstancias externas que crean la posibilidad de interacciones funcionales impredecibles.

Estas dos características están relacionadas con la dualidad codal (digital-analógica) propia de los sistemas informacionales [158]. Los fenotipos son un ejemplo de sistemas de información análoga y están sujetos a ajustes o acomodaciones en presencia de referenciales externos con los cuales interactúan; de manera que cambios sutiles en la forma pueden considerarse como codificaciones analógicas que pueden ser usadas como condición previa de la codificación digital. En este sentido Waddington[19] definió como asimilación genética el fenómeno por el cual se favorece la selección de mutaciones que confieren variaciones a los organismos que de hecho coinciden con las

modificaciones que tienen lugar cuando están expuestos a un estímulo externo. Antes de la asimilación genética la característica aparece como reacción del organismo ante un estímulo externo, después de la asimilación genética la característica fenotípica aparece en ausencia del estímulo. Este fenómeno solamente puede ocurrir como resultado de elecciones realizadas desde adentro por una inteligencia del tipo demonio de Maxwell. Sorprendentemente, este tipo de actividad cognitiva invita a rechazar las explicaciones basadas en herencia lamarckiana. Baldwin[140] afirmaba que si estamos dispuestos a aceptar un tipo de conciencia en la naturaleza, el concepto de selección natural resulta inadecuado, pero si la aceptamos, entonces se hace innecesario recurrir a la herencia de los caracteres adquiridos.

La selección orgánica en términos de Baldwin[140] puede entenderse únicamente si los organismos se consideran como demonios de Maxwell por cuanto ellos participan en la producción de las adaptaciones, y también porque los organismos son simultáneamente agentes y objetos de la selección. En este contexto resulta inadecuado insistir en la dicotomía entre características innatas y adquiridas por cuanto cualquier rasgo fenotípico resulta de una interacción entre factores genéticos y ambientales. La distinción sería entre características que se han asimilado genéticamente y las que no. La herencia de las adaptaciones se explica por la noción de *habito* en términos de Peirce. Un *habito* se corresponde con una probabilidad mayor de repetir en el futuro algo que ya ha ocurrido en el pasado, ó la probabilidad mayor de responder en el futuro ante un estímulo determinado del mismo modo que lo hizo en el pasado; cuando la reacción ante el estímulo no se da es porque por *habito* la acomodación o ajuste ha tenido lugar [159]. Es decir que cuando el estímulo no está presente, el *habito* tiende a afirmarse por sí mismo, el aumento de esta uniformidad es obra de la *Terceridad*, [159]. Mientras que el *habito* y la conciencia se consideraban como aspectos exclusivos para describir las leyes de la mente, pueden pasar ahora a ser parte de la explicación física permitiendo describir también leyes de la materia dando un fuerte apoyo filosófico a la aplicación de la metáfora del demonio de Maxwell.

De esta manera, todas las variaciones que surgen tienden hacia la dirección trazada por el *habito* (adaptación funcional), y la *Terceridad* explica la disposición para retener las que ratifican la dirección adaptativa junto con la producción colateral de perturbaciones aleatorias no perjudiciales. El conjunto de variaciones igualmente adaptativas constituye las variantes neutras. Sin embargo, aunque suene paradójico mientras que los cambios evolutivos apuntan la dirección ratificada por el *habito*, de hecho se alejan en mayor o menor medida. Lejos del equilibrio $\Delta S_e > \Delta S_i$, mientras que

ΔS_e se materializa en la forma de perturbaciones aleatorias del entorno, ΔS_i afecta la estructura interna en forma de mutaciones neutras y potencialmente adaptativas. La dirección ratificada por la *Terceeridad* corresponde al paso adaptativo que constituye un componente menor de la entropía disipada internamente. Las perturbaciones aleatorias que afectan el entorno se recrean y renuevan permanentemente a medida que la evolución transcurre. El hecho de que los organismos forcejean para manejar su entorno puede expresarse como una tendencia a incrementar su contenido de información mutua ($K_{organismo:entorno}$). Esta tendencia no quiere decir que la codificación en el DNA ocurre exclusivamente al nivel individual, aunque sugiere que a pesar de todo los individuos contribuyen activamente en su proceso evolutivo. De esta manera el concepto lamarckiano de *besoin* (necesidad, deseo) se enriquece y actualiza, siempre y cuando se considere como un requisito para una amplificación a largo plazo dentro de un marco de referencia espacio-temporal diferente ya que la selección de los genes más adaptados ocurre a nivel poblacional y no individual. El concepto de asimilación genética de Waddington no es mas una descripción de una instancia de codificación en el DNA como resultado de las elecciones habituales hechas por los organismos.

La codificación analógica tiene lugar a nivel de los individuos en cuanto participan de una red de interacciones por medio de ajustes recíprocos que tienen lugar en presencia de ciertos estímulos. Es imaginable, entonces, que individuos similares expuestos al mismo estímulo tiendan a reaccionar de un modo similar y que diverjan alcanzando configuraciones alternativas termodinámicamente estables.

Aunque esta fase de ajuste recíproco en presencia del estímulo es reversible constituye una condición necesaria para la selección de variantes genómicas. Una vez que se da la codificación digital por selección de variantes genómicas el proceso se hace irreversible. Crear registros de información codificada no es equiparable a escribir sobre un tablero en blanco sino una selección de textos modificados genéticamente. Bateson[160] afirma que el error de Lamarck es de tipo lógico puesto que confunde el nivel individual con el poblacional, en mi opinión este error conlleva la confusión entre información digital y analógica y entre escalas espacio temporales. Estamos ante una causalidad circular que se desdobra como un espiral: . . . Genealógico (1) \rightarrow [Ontogenia] \rightarrow Ecológico (1) \rightarrow [Filogenia] \rightarrow Genealógico (2) . . .

Una evolución de tipo lamarckiano en caso de ser posible, sería rápida y riesgosa; no obstante podría ser beneficiosa para sistemas en su etapa más tempranas de evolución, por el contrario la evolución típicamente darwiniana sería lenta puesto que la codificación genética esta resguardada por la barrera de Weissman. La evolución de organismos podría afectarse por la

incorporación de características no probadas a nivel de la población. Una de las razones por las cuales no hay herencia de los caracteres adquiridos radica en el hecho de que la información digitalizada (DNA) debe estabilizarse desde las etapas más tempranas de la evolución. En la etapa prebiótica el paso del RNA al DNA condujo a la producción de un formato químicamente más estable para así impedir el borrado de información, dado que el RNA se degrada a medida que se utiliza.

3.10. La variaciones evolutivas son ¿dirigidas ó aleatorias?

La controversia entre Lamarck y Darwin hoy en día ha tomado la forma del debate sobre si las mutaciones son dirigidas u orientadas a una adaptación particular, ó por el contrario son aleatorias. Lamarck propuso que las variaciones evolutivas dependen de la naturaleza de las condiciones ó circunstancias externas, mientras que Darwin puso el énfasis en la naturaleza aleatoria de la variación. La perspectiva lamarckiana estaba asociada de manera inequívoca con la idea de los organismos como agentes reales que forcejean para responder a los desafíos externos movidos por un impulso interno ó *besoin*; por el contrario para el darwinismo los organismos no son agentes, sino entidades pasivas cuyo destino está determinado por fuerzas externas que contrarrestan su inercia a variar azarosamente y a la sobreproducción descendencia.

Con el ánimo de discutir este tema cito a continuación un párrafo del capítulo V del “Origen de las especies”:

“Hasta ahora he hablado a veces como si todas las variaciones —tan comunes y multiformes en los seres orgánicos domesticados, y en menor grado en los que se hallan en estado de naturaleza— se debieran a la casualidad. Esta, por supuesto, es una expresión completamente impropia, pero sirve para reconocer plenamente nuestra ignorancia de la causa de cada variación particular. . . . Pero el hecho de que las variaciones y monstruosidades se produzcan mucho más a menudo en la domesticidad que en la naturaleza, y la gran variabilidad de especies que abarcan regiones mayores comparada con la variabilidad de especies que abarcan regiones más restringidas, nos lleva a la conclusión de que la variabilidad se relaciona generalmente con las condiciones de vida a que ha estado expuesta cada especie durante varias generaciones sucesivas. . . . “.. el cambio en las condiciones obra en dos sentidos: directamente sobre todo el organismo o sobre ciertas partes solamente, e indirectamente sobre el sistema reproductor. *En todos los casos hay dos factores: la naturaleza del organismo,*

*que es con mucho el más importante de los dos, y la naturaleza de las condiciones. La acción directa del cambio de condiciones lleva a resultados definidos o indefinidos. En el segundo caso, la organización parece volverse plástica y tenemos mucha variabilidad fluctuante. En el primer caso la naturaleza del organismo es tal que cede fácilmente cuando es sometida a ciertas condiciones y entonces todos o casi todos los ejemplares resultan modificados de la misma manera*⁵ [161].

Darwin creía que las variaciones ocurren con mayor frecuencia en los animales bajo domesticación que en estado de naturaleza debido a que el cambio de condiciones impuesto por la selección artificial induce variabilidad que puede resultar interesante para los cruzadores. Recientemente, Jablonka y Lamb [162] refuerzan este argumento explicando que la domesticación induce una gran variación porque las nuevas condiciones de entorno provocan un estrés en el comportamiento de los animales. Además, según McClintock [163] la selección artificial induce la producción de nuevas permutaciones de alelos, pero también puede incrementar las tasas de mutación y eventos de reorganización genética. Los cambios en las condiciones aceleran la evolución porque amplían el rango de variación hereditaria disponible para la selección. Al sostener que el incremento observado en variabilidad se induce por selección artificial dirigida, Darwin anticipó la circularidad del proceso: variación (1) → selección (1) ⇒ variación (2) → selección (2).

La evolución teórica de Darwin comenzó con la afirmación de que las variaciones son el producto de la selección artificial ó de las condiciones de vida, y posteriormente concluiría lo contrario o sea que las variaciones no están relacionadas con las condiciones de selección. La primera posición corresponde al Darwin lamarckiano que fue influenciada por su propia experiencia como cruzador artificial y por su aceptación de la idea de herencia por mezcla. Si la herencia procediera por mezcla el mismo tipo de variación orientada hacia la misma condición desafiante debería producirse de nuevo con el fin de impedir la desaparición de los caracteres seleccionados. Su segunda posición, que es la que conocemos como la postura propiamente darwiniana, está íntimamente relacionada con su aceptación del pensamiento Malthusiano (supervivencia del más apto) y de una ontología individualista que se oponía a la visión esencialista que aceptaba la realidad de las clases [164].

A lo largo de su propia evolución teórica, Darwin debió superar la siguiente objeción: si el cruzamiento artificial es dirigido, por contraposición a los cruzamientos en la naturaleza que ocurren al azar, ¿por qué se dan

⁵El enfatizado del texto es mio.

direccionalidades hacia unas adaptaciones determinadas en el proceso evolutivo? Darwin reconoció explícitamente que la respuesta a esta dificultad la encontró en el ensayo de Malthus sobre la población. Como resultado del crecimiento geométrico de la población, ésta tiende a agotar los recursos disponibles de alimento que crecen aritméticamente. Esto genera una lucha por la supervivencia que asegura que el fuerte triunfe y el débil perezca. Darwin asume que estas leyes también operan en la naturaleza y por tanto, su teoría es una extensión del *laissez faire* económico al mundo natural [26].

La controversia entre el lamarckismo y el darwinismo sobre el origen de las variaciones refleja claramente dos puntos de vista opuestos y complementarios. El lamarckismo hace énfasis en la direccionalidad del proceso de variación, la cual está garantizada por la tendencia que muestran individuos similares a responder a las exigencias del medio de un modo similar; mientras que el darwinismo enfatiza la dispersión de variaciones observada en la población. En mi opinión, la especificidad de cada experiencia individual debe mantenerse. La complementariedad entre estos dos puntos de vista se evidencia si se interpretan las variaciones aleatorias como efectos colaterales derivados de la tendencia que muestran individuos similares para responder de un modo regular, aunque no idéntico dado el carácter único de la experiencia individual, a las mismas condiciones del medio. Por tanto un desafío estresante trae como consecuencia una dispersión de respuestas que puede ser tan amplia que parece no estar relacionada con la situación desafiante ó las condiciones de vida. Quiero subrayar que, el hecho de que las variaciones se produzcan bajo estrés no debilita el argumento sobre la agencia que se da a nivel de los individuos. A pesar de todos los argumentos esgrimidos por los darwinistas, sostengo que existe una tendencia interna a interactuar con algunos motivos del entorno con el propósito exclusivo de extraer trabajo, pero el resultado no es una adaptación deliberada sino una variación imprevisible dentro de un determinado rango de permisibilidad. Irónicamente, a Darwin se le ha dado la razón aunque está sustentado en argumentos equívocos, mientras que a Lamarck se le sigue condenando a pesar de estar sustentado en argumentos correctos. El punto clave es señalar que, en últimas, ambos tienen algo de razón puesto que existen diferentes grados de dispersión en las respuestas de los organismos dependiente de la rigidez de las restricciones externas y del grado de cerramiento estructural.

El modelo de los organismos como demonios de Maxwell colectores y usuarios de la información tiene la ventaja de incluir la experiencia individual como uno de los factores relevantes que generan innovaciones en el proceso evolutivo. Cada individuo experimenta (mide y registra) el mundo a su manera dando así lugar a registros divergentes que conforman la población.

Como discutiré a continuación, una influencia mayor de la naturaleza del organismo y de las variaciones azarosas se aplica únicamente en la situación cercana al equilibrio. Por el contrario, la visión Neolamarckiana asocia actividad subjetiva con mutaciones dirigidas debido a una mayor influencia de la naturaleza de las condiciones del entorno en la lejanía del equilibrio termodinámico.

3.11. Variaciones dirigidas lejos del equilibrio contra variaciones aleatorias en el equilibrio

Imaginemos dos situaciones extremas: Caso 1. Equilibrio y variaciones aleatorias. Se dice que los organismos alcanzan un estado de clausura o cerramiento estructural cuando los cambios que sufren están determinados por su estructura y dinámica, y no por lo que ocurre en su entorno. Esta situación tiene lugar a causa de la estabilización de los acoples entre el organismo y su entorno, es decir gracias a que ha habido una interiorización previa de referentes externos. Un sistema cerrado estructuralmente puede ser descrito como un estado estacionario cercano al equilibrio puesto que los referentes externos no provocan el establecimiento de interacciones nuevas. Para estados estacionarios la disipación de entropía al entorno alcanza un valor mínimo, mientras que la entropía disipada internamente alcanza un valor máximo, por consiguiente todas las variaciones azarosas obedecen las restricciones impuestas por la estructura interna. Esta situación sería equiparable a una cercanía al equilibrio termodinámico en el cual todos los microestados (variaciones genéticas) compatibles con el macroestado (fenotipo) proliferan, de manera que la distribución de los microestados tiende a la máxima dispersión y podría equipararse a las variantes neutras en el sentido que no afectan el desempeño, ni sus interacciones con los referentes externos. El cerramiento estructural se encuentra favorecido cuando el ambiente externo permanece constante, de acuerdo a Kimura [165] la estabilidad ambiental favorece la proliferación de variantes neutras. En este estado estacionario el contenido de información mutua entre el organismo y el entorno alcanza su valor máximo, y esta condición es justamente la que provoca el cerramiento estructural dado que la incertidumbre acerca del entorno ha decrecido desde el punto de vista de los organismos⁶.

⁶En caso que se alcance el estado de equilibrio, la frontera que separa lo interno de lo externo desaparece, perdiéndose la autonomía del organismo. Para organismos en estado estacionario, la autonomía se preserva en tanto cuanto se mantenga la frontera interno/externo.

Caso 2: Lejanía del equilibrio y variaciones dirigidas. Los sistemas vivos pueden pasar de un estado estacionario a otro por medio de su traslado a un entorno nuevo. Este evento tiene lugar en la naturaleza cuando las condiciones del medio cambian abruptamente. La apertura a un nuevo entorno implica para los organismos una reducción de su certidumbre, hecho que excita su propensión a responder a las nuevas exigencias y que los hace más dependientes de las circunstancias del ambiente. Consecuentemente, una fracción de todas las interacciones posibles tiende a realizarse efectivamente disminuyendo el rango disponible para las variantes neutras (dispersión mínima); en otras palabras las variaciones adaptativas se ven favorecidas permitiendo de esta manera el establecimiento de interacciones con nuevos referentes externos. Durante la transición desde la lejanía del equilibrio hacia un nuevo estado estacionario algunas variantes neutras se convierten en la fuente de adaptaciones.

En situaciones reales los organismos se encuentran usualmente entre estos dos casos extremos, es decir que presentan grados variables de apertura termodinámica y cerramiento estructural. Durante la filogenia y ontogenia, dependiendo de la escala temporal, ellos transitan desde una apertura a un cerramiento. Los organismos regulan su autonomía con respecto al ambiente gracias a su cerramiento parcial. Como regla general aventuro la hipótesis de que la apertura es proporcional al valor H el cual mide las elecciones potenciales que se le presentan, así que este valor se incrementa en un ambiente inestable y cambiante. Por otra parte, el cerramiento estructural exhibe una proporcionalidad inversa con el valor K , puesto que entre mayor sea la información interiorizada mayor es la autonomía con respecto al entorno.

En el primer caso que describe un movimiento desde el desequilibrio hacia el equilibrio, los organismos evolucionan de un estado inicial dependiente de la naturaleza de las condiciones a un estado final dependiente de la naturaleza de la información internalizada en el sistema. El estado final corresponde a una evolución en un ambiente estable donde los organismos se hacen cada vez más dependientes de su historia genealógica. Por el contrario, en el segundo caso que describe un movimiento desde un estado estacionario a uno en desequilibrio, los organismos evolucionan de un estado inicial dependiente de la información interiorizada (naturaleza del organismo) a un estado final dependiente de la naturaleza de las condiciones del medio que acelera el proceso evolutivo. En términos de las fracciones de entropía disipada, considerando que en medios estables las presiones de selección se relajan ampliando el rango de mutaciones neutras, se esperan valores menores de entropía disipada al entorno (ΔS_e) y valores mayores de entropía disipada internamente (ΔS_i); por el contrario después de cambios

ambientales bruscos se esperan mayores valores de ΔS_e y menores de ΔS_i .

Resumiendo, no existe una ley general que permita afirmar que las variaciones siempre son aleatorias y dependientes de la naturaleza de los organismos, a menos que los organismos presenten un grado alto de cerramiento estructural y evolucionen en ambientes estables. Los efectos de los grados variables de apertura sobre los organismos están asociados a la mutabilidad del entorno, pero esta mutabilidad también está influenciada por la actividad de los organismos, la cual depende de su naturaleza heredada. Para cerrar el círculo de la causalidad y de acuerdo con Wiley y Brooks[53], los organismos son víctimas de su historia genealógica a causa de la internalización de información sobre el ambiente. A medida que la evolución transcurría los organismos se hicieron cada vez más dependientes de su historia ó de su información codificada y menos dependiente del entorno a menos que ocurrieran cambios repentinos y severos del ambiente.

Las discusiones anteriores cuestionan las ideas mecanicistas sobre el ambiente que han prevalecido en el pensamiento evolutivo clásico. Para la tradición lamarckiana el ambiente (circunstancias) se consideraba como una fuente de contingencias que desviaban a los organismos del “Plan de la Naturaleza” que debería cumplirse de acuerdo a las tendencias internas de los organismos (“fuerza vital”). Esta visión comparte con la tradición mecanicista el hecho de no decir nada acerca del origen de las contingencias (azar). Para el darwinismo el ambiente provee un conjunto de restricciones externas que actúan como un filtro que retiene los adaptados y elimina los menos adaptados. En este trabajo propongo que tanto los organismos como el medio ambiente (los demás organismos) son agentes reales es decir fuentes, transmisores y receptores de información. Los organismos no son seleccionados por el ambiente sino que ellos interactúan entre sí y con otros referentes que conforman su mundo de experiencia. Desde una perspectiva internalista, se hace un énfasis especial en el estudio de la actividad de los organismos en su contexto cambiante orientado a modelar su coevolución recíproca. La actividad de los organismos ó demonios de Maxwell produce un registro evolutivo dado por su propia estructura que confiere cierta capacidad anticipadora a la mutabilidad impredecible del ambiente. El proceso en su totalidad se hace cíclico puesto que la tendencia a incrementar el contenido de información mutua ($K_{organismo:entorno}$), debe pagarse con incrementos de entropía disipada hacia el entorno, disparando así un movimiento en dirección opuesta. Esta es la razón por la cual no hay necesidad de que los organismos fijen genéticamente (interiorizen) todas y cada una de las características derivadas de su experiencia en el mundo. De acuerdo a esta perspectiva se deduce que una evolución puramente lamarckiana, entendida como la digitalización

de la información derivada de todas y cada una de las experiencias, es físicamente imposible por que la elaboración de registros siempre es parcial, incompleta y desactualizada. Igualmente, la optimización de la conversión de H en K es apenas una tendencia físicamente inalcanzable.

Teniendo en cuenta que los organismos nunca alcanzan a eliminar por completo la incertidumbre sobre su entorno, el contenido de información mutua entre organismos y entorno $K_{organismo:entorno}$ debe ser bajo puesto que el registro lleva información de las características más estables que se produjeron en entornos degradados en el presente. En consecuencia, el organismo y el entorno, necesariamente no se ajustan perfectamente el uno con el otro. Por tanto debe existir una tendencia a incrementar ese valor de información mutua interiorizando parcialmente información del entorno. Este fenómeno se facilita en el caso que la variabilidad debida a la entropía disipada logre canalizarse facilitando la producción de mutaciones adaptativas.

La permanente disipación entrópica hacia el ambiente explica la disponibilidad de nichos vacíos o espacios no ocupados que los organismos tratan de ir ocupando a medida que se van produciendo. En diferentes momentos del proceso evolutivo se observan cambios en $K_{organismos:entorno}$; valores constantes equivalen a una estabilidad en la dinámica organismo-entorno. Estos valores se incrementan durante periodos en los cuales la información codificada se ha incrementado, y disminuyen debido a los aumentos de entropía que producen cambios disruptivos que afectan la coherencia entre organismo y ambiente.

Para concluir, el problema sobre la prevalencia de la naturaleza de los organismos ó de las condiciones de vida no es una alternativa ante opciones excluyentes, sino que lo que esta en juego es la interacción entre organismos y ambiente que conduce con frecuencia a resultados inesperados. En el futuro cercano se deben promover investigaciones que permitan estimar el grado de cerramiento estructural para casos particulares que involucren diferentes clases de organismos. Investigaciones que permitan, por ejemplo, medir el espectro de variación neutra para organismos a lo largo de procesos adaptativos en situaciones cambiantes y estimaciones similares para organismos que viven en ambientes estables. Estas estimaciones deben utilizar una gran diversidad de marcadores moleculares disponibles en laboratorio.

3.12. La propuesta neolamarckiana

Las argumentaciones precedentes abonan el terreno para sugerir dos hipótesis que enriquecerían la dinámica de la relación organismo-entorno:

1. Los organismos perciben su entorno: cada cual a su nivel; por ejemplo, la bacteria lleva una representación codificada del entorno dada por moléculas sensoras, receptoras, gradientes iónicos, etc. En el otro extremo de la escala evolutiva (vertebrados superiores) estas representaciones incluyen elementos más abstractos.
2. Los organismos modifican sus respuestas fisiológicas y metabólicas de acuerdo con su percepción del entorno: algunas modificaciones podrían favorecer cierto tipo de mutaciones y de rearrreglos génicos. La exigencia ambiental no dice cómo debe responder el organismo. Cada cual propone respuestas de acuerdo con sus restricciones estructurales o registro de su historia filogenética. Los patrones internos de conectividad pueden modificarse a consecuencia de la interacción con el entorno, pero cada organismo o sistema define las modificaciones internas que puede aceptar y el tipo de interacción con el entorno que está en capacidad de establecer. Para aquellos organismos en que no hay distinción entre línea somática y germinal, como las bacterias, los hongos, las plantas y gran parte de los invertebrados, estos cambios internos de conectividad pueden comprometer directamente al genoma. En cambio, para organismos con una clara separación entre genotipo y fenotipo, como los insectos y vertebrados, la interacción con el entorno solamente repercutiría en el genoma por asimilación genética, ó si las mutaciones en las células germinales establecen acoplamientos con cambios fenotípicos (fisiológicos y de comportamiento) a través de reacomodamientos recíprocos. El uso de un órgano, por ejemplo, implica de hecho una selección que favorece o amplifica una fluctuación propia de un patrón morfológico, con algún tipo de representación en las instancias de control epigenético y en el genoma.

Para entender los procesos adaptativos habría que retomar estas dos hipótesis, y así explicar por qué justamente ciertas adaptaciones positivas se dan con una probabilidad razonable superior a la esperada por azar. Es decir, se trata de interpretar el sistema biológico como un sistema cognitivo que mide e interioriza (registra) su entorno y al interpretarlo propone un ramillete de soluciones o ajustes estructurales. Estas innovaciones estarían canalizadas por las dinámicas internas del sistema, como resultado de los ajustes estructurales internos ocurridos durante la interacción, y no tanto por fuerzas externas como la selección natural clásica. Por supuesto que el organismo en su actuar espontáneo no distingue entre influencias externas o internas; de estas distinciones nos preocupamos los biólogos teóricos que por más que

hablemos de los seres vivos como observadores internos, al fin y al cabo lo único que podemos hacer son descripciones externalistas. No obstante, se trata en este caso de descripciones externalistas que reconocen la instancia de la observación participante propia de los sistemas naturales.

Además de los reajustes a niveles de desarrollo, habría que considerar la dinámica a nivel del genoma (reorganización, movilización, intercambio, mutación, reparación, etc.) que da lugar a nuevas configuraciones en situaciones de estrés. Como consecuencia de los reajustes a diferentes niveles (molecular, genético, celular, epigenético, fisiológico, poblacional, y ecológico) los organismos actúan “como si” hubieran aprendido a responder inteligentemente a las exigencias del entorno.

La idea de que las mutaciones ocurren independientemente de su utilidad está muy difundida y apoyada empíricamente por medio de experimentos como el de Luria Delbruck, mencionados en el capítulo anterior. En este caso, las mutaciones para resistencia de fagos se expresan fenotípicamente después de varias generaciones. Este retraso entre el momento de la ocurrencia de la mutación y su expresión fenotípica sugiere dos posibilidades: 1. Las mutaciones son aleatorias y el entorno determina cuáles sobreviven (adaptación pasiva o selección natural clásica), y 2. Las mutaciones son no aleatorias y posiblemente inducidas por un producto determinado (respuesta activa o mutaciones dirigidas).

Cairns[21] diseñó un experimento en el cual la expresión fenotípica ocurría inmediatamente después del evento mutacional. A partir de cepas de *Escherichia coli* incapaces de digerir lactosa y cultivadas en un medio deficiente en nutrientes, se seleccionaron inmediatamente mutantes capaces de hacerlo después de añadir lactosa al medio de cultivo. Este fenómeno se ha explicado argumentando que durante el período de escasez de nutrientes se incrementa la producción de mutantes que pueden sobrevivir, pero el hecho de que la variación azarosa tienda a ocurrir mucho más frecuentemente en aquellos genes necesarios para encontrar la solución adaptativa restringe notablemente el campo de lo azaroso. El estrés producido por ayuno induce en las bacterias sometidas al medio selectivo rupturas de la doble hélice del DNA promoviendo recombinaciones y reparaciones erróneas. Es como si a lo largo de la historia evolutiva hubiera habido selección no solamente para características particulares, sino sobre todo para favorecer la capacidad de generar variación útil. En condiciones de estrés la explotación de recursos a nivel fenotípico puede alterar la variabilidad genética al menos lo suficiente como para que los organismos puedan revisar las estrategias que les permitan satisfacer sus necesidades [166]. Aunque este proceso tiene cierto carácter teleológico, en realidad se reduce a señalar que los organismos son sistemas

autónomos abiertos capaces de ajustar su metabolismo interno para asegurar la continuidad del flujo de materiales en el ambiente. Entre más pobre sea el medio ambiente, con mayor frecuencia la estrategia de explotación de recursos tiene que ser revisada. Los organismos constantemente detectan sus necesidades y las satisfacen tomando los recursos materiales necesarios. Es decir, los organismos se comportan como agentes de medición interna con el fin de garantizar la continuidad del flujo de materiales en sistemas abiertos.

Thaler propuso un esquema para mostrar cómo la interacción con el ambiente genera reajustes genéticos que allanan la búsqueda de soluciones adaptativas, en el caso particular de las bacterias, a través de circuitos de retroalimentación [167]. En la visión clásica, los organismos son entes pasivos sujetos a fuerzas externas, mientras que en una visión más integral los organismos desempeñan un papel activo y ajustan una serie de procesos internos para responder a las exigencias del entorno (véanse figuras 3.14 y 3.15).

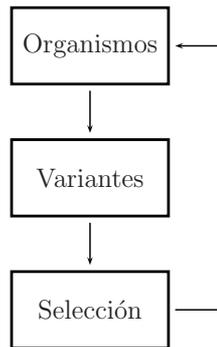


FIGURA 3.14. La visión más divulgada de la evolución. El medio ambiente actúa solamente en el momento de la selección [167]

Sin embargo, lo importante es entender que las recombinaciones genéticas y las mutaciones generadas en situación de estrés en realidad no están inducidas por el producto, sino que ocurren en consonancia con el proceso físico de mantenimiento de la continuidad del flujo de materiales, por ejemplo la habilidad de las bacterias para degradar nuevas sustancias como bifenilos policlorados, hidrocarburos, herbicidas y muchos compuestos sintetizados que se utilizan con fines prácticos. Las mutaciones inducidas por estrés no se limitan a las bacterias; también en animales las tasas de transposición de elementos genéticos móviles puede inducirse por estrés ambiental [168]. Los insectos han mostrado una habilidad similar a la de las bacterias; cerca

de 5.000 especies han logrado derrotar algún tipo de pesticida por medio de la producción de enzimas que destruyen el producto químico o alterando su fisiología. Igualmente miles de especies de patógenos de plantas, 55 de malezas y 5 de roedores han desarrollado defensas contra pesticidas [169].

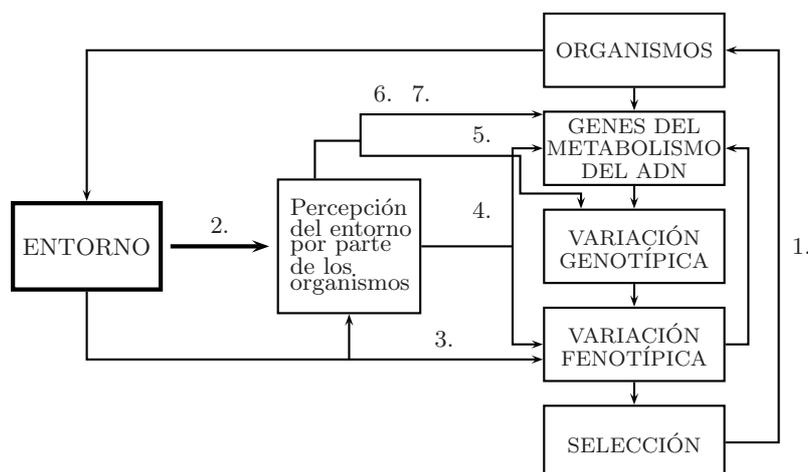


FIGURA 3.15. Una visión más completa de la evolución: 1. El medio ambiente actúa como agente de selección. 2. El medio ambiente es percibido por parte del organismo. 3. El organismo modifica algunos procesos fisiológicos, por ejemplo, inducción del operón lactosa, según la percepción del medio ambiente. 4. El metabolismo genético se afecta por la percepción del medio ambiente, por ejemplo en las rutas de reparación SOS. 5. El medio ambiente afecta directamente el DNA induciendo mutaciones. 6. El medio ambiente interactúa con el DNA por medio del metabolismo de DNA. 7. El organismo modifica la interacción ambiental con el genoma, por ejemplo la destoxicación y activación metabólica [167]

Además, el comportamiento de los organismos se convierte en factor de estrés para otros cuando influye en las estrategias para captar los recursos materiales del entorno. La flexibilidad en los comportamientos determinantes de supervivencia es probablemente básica al proceso evolutivo, especialmente cuando se da alta variabilidad (fenotípica y genotípica) debido a condiciones de estrés. En animales, los cambios en el comportamiento pueden convertirse en factores cruciales para iniciar la innovación evolutiva [170]. El comportamiento no determina la constitución genética, pero induce cambios en la variabilidad. A su vez, el comportamiento es plástico y no está determinado totalmente por el genotipo, y también es posible que por medio de procesos de retroalimentación el genotipo quede bajo la influencia del comportamiento.

Las evidencias experimentales a favor de las mutaciones dirigidas se incrementan día a día. Por ejemplo se ha reportado que la acción de las mutasas de DNA [171, 172, 173], inducen mutaciones en regiones donde la variabilidad es necesaria para dar cuenta de los cambios ambientales. Radman [174] sugiere que las mutasas están dirigidas hacia genes bajo presiones selectivas, como los genes de protozoarios que codifican para antígenos de superficie reconocidos por el sistema inmune del hospedero, algunos de estos antígenos contienen secuencias repetidas simples (microsatellites) que constituyen sitios preferidos para los errores por resbalamiento de la polimerasa y que confieren a estos genes tasas de mutación más altas con respecto a las secuencias vecinas. De esta manera los parásitos logran sobrevivir tomándole ventaja al sistema inmune. La enzima DNA polimerasa IV induce mutaciones por resbalamiento y de este modo se favorecen rangos amplios de variabilidad dirigidos a regiones específicas.

Los organismos disipan entropía que produce una perturbación azarosa más allá de su dominio de interacciones. Pero si el entorno no es estático sino que también evoluciona, la variabilidad se observara, sorprendentemente, en las regiones donde más se necesita, aunque retrasada con respecto a las condiciones del momento presente. Los registros están necesariamente desactualizados porque registran situaciones pasadas, sin embargo en ambientes estables los registros no muestran un atraso muy grande. Los organismos tratan de incorporar información sobre el ambiente, pero este hecho induce mayor variabilidad dando como resultado la desactualización de los registros. Por esta razón tenemos la causalidad cíclica del tipo: . . . variación (1) \rightarrow selección (1) \rightarrow variación (2) \rightarrow selección (2) \rightarrow . . .

En lugar de herencia de caracteres adquiridos de tipo adaptativo, hay transmisión ó herencia de las variaciones adquiridas de tipo neutro, fenómeno que facilita y allana el camino para encontrar las soluciones adaptativas. A su vez, la variabilidad adquirida en los genes influencia la plasticidad en el comportamiento, y éste puede inducir cambios en la variabilidad génica y así indefinidamente. Al poder heredar el potencial generativo, los organismos conservan la posibilidad de no estar controlados totalmente por el ambiente. Justamente por esta razón la herencia lamarckiana no es completamente viable. Si ésta tuviera lugar, los organismos serían enteramente dependientes del medio ambiente. En este sentido, Bateson sostiene que la fijación genética no se da porque conduciría a una pérdida de la flexibilidad adaptativa, la cual podría recuperarse solamente por una nueva mutación [175]. En un sentido más general, cabría anotar que la flexibilidad adaptativa está relacionada sobre todo con la modulación de la capacidad clasificadora por parte de los organismos que se desempeñan como agentes de medición

interna. Esta capacidad está asociada al espectro de variantes neutras que los organismos pueden tolerar, a la redundancia interna constitutiva y a la *pleiotropía* (multifuncionalidad) inherente a las estructuras.

La redundancia interna constitutiva se ejemplifica muy bien a nivel del DNA, donde es clara la presencia de secuencias altamente repetitivas sin sentido o funcionalidad conocida, así como la presencia de genes moderadamente repetidos funcionales y no funcionales como los pseudogenes. La evolución requiere estructuras o motivos no funcionales redundantes que puedan variar sin alterar la integridad y viabilidad del sistema. Los nuevos motivos funcionales tienen mayor probabilidad de generarse a partir de los no acoplados, los débilmente acoplados y los redundantes. En el mismo sentido, sistemas altamente acoplados que carecen de redundancia o de motivos no acoplados tienen mayor posibilidad de extinguirse, puesto que su habilidad para reaccionar a los cambios ambientales es mínima.

Las estructuras que participan en acoplamientos deben tener efectos pleiotrópicos o multifuncionales, es decir que su acción no se circunscribe a un único tipo de función, sino a un número limitado que le permite ejercer influencia sobre otros miembros del sistema, facilitando la coherencia funcional del todo. Muchas moléculas consideradas claves para el desempeño de la actividad celular están acopladas con muchas otras. Son tan abundantes los ejemplos descritos en la literatura, que bien puede postularse que este fenómeno es más la norma que la excepción⁷.

3.13. La barrera de Weismann

La presentación anterior suscita inequívocamente la discusión sobre la existencia o no de la barrera weismanniana entre genotipo y fenotipo, o entre línea germinal y línea somática. ¿Quiere decir todo el análisis precedente que esta barrera no existe?, o que, en caso de existir, ¿se traspasa ocasional-

⁷Por ejemplo, el trifosfato de adenosina (ATP) tiene funciones energéticas, informativas y estructurales; hormonas como el cortisol y la triiodotirosina afectan el crecimiento, el metabolismo de azúcares y la termorregulación; la serotonina (5-hidroxitriptamina) y la histamina estimulan el sistema inmune, actúan como neurotransmisores, reguladores del sueño y temperatura; las interleukinas identificadas inicialmente como pirógenos endógenos actúan estimulando la reproducción y diferenciación de linfocitos [176]; la alfafetoproteína actúa como proteína de transporte, libera sustratos de kinasas y proteasas, es marcador tumoral e indicador de malformaciones fetales; la proteína tirosin kinasa receptora de esperma Hu9 que actúa como receptor de ZP3 una glicoproteína de la zona pelúcida del huevo, también corresponde a la secuencia de un proto-oncogen [177]; las proteínas cristalina- ϵ de aves y cocodrilos son idénticas en su secuencia de aminoácidos con la lactato deshidrogenasa B responsable de la actividad LDH en hígado [178]

mente? Por ahora es suficiente afirmar que esta barrera no es una condición universal de todos los organismos, tratándose de una característica que ha aparecido independientemente en los linajes de insectos y de vertebrados, en los que se da una determinación temprana de la línea germinal. De todos modos debieron existir condiciones que favorecieron el establecimiento de esta barrera, una de las cuales es proteger a los organismos contra la herencia de características adquiridas manteniendo la flexibilidad evolutiva. La herencia de características adquiridas puede constituirse en ventaja adaptativa para los llamados organismos inferiores, mientras que, por el contrario, en los que hay una alta especialización somática las modificaciones transitorias adquiridas por la interacción con el entorno podrían desestabilizar completamente las estructuras en caso de heredarse (véanse figuras 3.16 y 3.17).

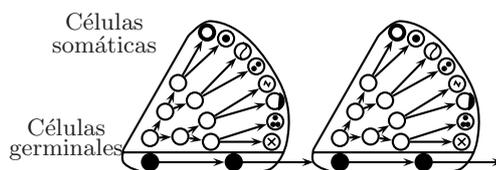


FIGURA 3.16. Esquema de la doctrina de Weismann. Las células somáticas (círculos punteados) surgen por mitosis y las germinales (círculos negros) por meiosis. Esta visión excluye la heredabilidad de variantes que aparecen en las células somáticas [179]

August Weismann planteó la idea de la continuidad de la línea germinal y su separación de la línea somática a partir de la siguiente consideración: las células germinales son las únicas que contienen material hereditario y las células somáticas adoptan sus estados específicos diferenciados como consecuencia de una conversión irreversible del plasma germinal en estructuras diferenciadas. Según Weismann, en el núcleo celular se encontraba una gran cantidad de agregados moleculares responsables de la identidad de los caracteres (*Ids*), los cuales se repartían de un modo desigual con cada división celular. La irreversibilidad era la consecuencia del hecho de la pérdida de *Ids*, puesto que estas partículas se convertían en las estructuras del organismo en desarrollo produciendo la diferenciación. El conjunto de todas las partículas, el plasma germinal, no participaba en este proceso. Por tanto, este plasma germinal al permanecer inviolable confería a la célula que lo contenía la capacidad de generar un nuevo individuo. El plasma germinal constituía el material hereditario y solamente algunas células lo poseían. Hoy en día sabemos que esto es falso, ya que todas las células poseen DNA

completo haciendo posible la clonación al utilizar el material genético de una célula somática diferenciada.

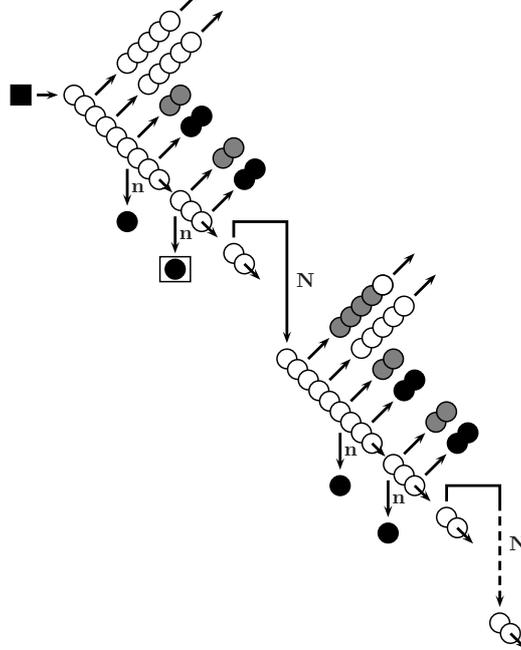


FIGURA 3.17. Modificación del esquema de Weismann que muestra la habilidad de las células totipotentes (círculos abiertos) y para producir gametos (círculos negros), y repetidas iteraciones asexuales de nuevos individuos a partir de un cigoto [179].

Sin embargo, en su momento estas consideraciones llevaron a Weismann a concluir que la transmisión de características adquiridas era una imposibilidad teórica.

No obstante, tal como muestra Buss, la imposibilidad de esta transmisión tiene que ver con el modo de desarrollo o aparición de la línea germinal y se cumpliría únicamente para los organismos en que hay una determinación temprana de la línea germinal en el desarrollo [179].

Si el plasma germinal está separado del genoma por una barrera molecular, ¿cómo podría el medio ambiente que actúa directamente sobre el soma transmitir su influencia al plasma germinal? En realidad el problema radica en una confusión de los niveles de organización. La experiencia y las variaciones individuales se registran a nivel de la codificación analógica en presencia de los estímulos del medio y su posible fijación genética solamente se evidencia a nivel de la población. Sin embargo, en cada generación se

van seleccionando los genes que han sido probados en las condiciones de un medio ambiente determinado. Pero la determinación por el ambiente se manifiesta a nivel poblacional, reflejándose en cambios del “pool” genético, mientras que por otro lado los patrones de variabilidad neutra adquirida se heredan y en ellos radica la potencialidad para explorar las llamadas soluciones adaptativas a nivel individual.

Por otra parte, la existencia de la barrera de Weissman, como la segunda ley, nos recuerdan la irreversibilidad propia de los procesos biológicos; no obstante ni la una ni la otra prohíben la acción de bucles de retroalimentación, por ejemplo la síntesis proteica y el plegamiento son procesos irreversibles que han influenciado la evolución proteica y del código genético [180].

3.14. Hacia una teoría de los Fenotipos

La biología contemporánea carece de una teoría de los fenotipos. Conrad Waddington señaló la insuficiencia de la teoría de la información y de la genética para explicarlos, puesto que el fenotipo es ante todo un fenómeno epigenético [19, 181]. Dentro del marco de la perspectiva mecanicista, se configuraron las propuestas conjuntas del darwinismo y la genética que colocaron en segundo lugar los enfoques centrados en la teoría de los tipos morfológicos y en la biología del desarrollo.

La teoría de los tipos se consideró como una herencia del Platonismo en cuanto consideraba las variaciones de los organismos como manifestaciones de un mismo arquetipo o plan fundamental. Con el auge del darwinismo las similitudes entre los organismos se explicaron por el hecho de compartir un ancestro común, o como producto de una relación de parentesco filogenético. En palabras de Darwin: “En mi teoría, la unidad de tipo está explicada por la unidad de descendencia” [146]. Igualmente, la biología del desarrollo a partir de la formulación de la ley biogenética de Haeckel quedó supeditada al evolucionismo, dado que la relación entre filogenia y ontogenia se explicó en términos de una relación de “causa-efecto” dependiente del fenómeno de la herencia y la adaptación.

El matrimonio entre el darwinismo y la genética se hizo posible a partir de la distinción entre genotipo y fenotipo. Distinción que se sigue como consecuencia del planteamiento de Weissman sobre de la continuidad de la línea germinal. La línea germinal al determinar la sucesión y continuidad genealógica, permitía descartar el papel evolutivo que pudieran jugar las células somáticas, es decir aquellas que configuran el fenotipo. Como resultado, se generaron escuelas centradas exclusivamente en la visión genética

y poblacional que desalentaron las investigaciones centradas en la búsqueda de una teoría sobre los fenotipos.

Las definiciones de fenotipo se refieren al reconocimiento del conjunto de una serie de características morfológicas, fisiológicas y de comportamiento dependientes del genotipo; no podía ser de otra manera puesto que el concepto buscar establecer la distinción, e investigar la relación, entre la constitución genética y la apariencia externa de los caracteres. El concepto de organismo como una totalidad estructural y funcionalmente organizada hacia la consecución de sus propios fines y que ejerce un papel activo en la definición de una serie de interacciones ecológicas, va cediendo paso al de fenotipo. Su papel evolutivo se resume en afirmar que la selección natural actúa sobre los fenotipos de modo que las diferencias fenotípicas se consideran como adaptativas. En este sentido, los fenotipos serían importantes únicamente por ser los portadores de los genes⁸. Detrás de la inseparabilidad entre los conceptos genotipo y fenotipo subyace un fenómeno característico de la vida que tiene que ver con la mutua dependencia entre la apariencia externa del organismo y su codificación genética, entre lo que es modificable por acción del medio y lo que realmente se transmite por herencia a la siguiente generación [181].

La relación genotipo-fenotipo plantea una serie de preguntas no respondidas por la genética de poblaciones y el darwinismo. Para la discusión subsiguiente propondré el concepto según el cual el fenotipo corresponde a la información analógica que hace parte de la dualidad codal (analógico-digital) característica de la vida, tal como fue concebida por Hoffmeyer y Emmeche [158].

A nivel de los organismos, se constata la prelación que se le ha dado a los estudios filogenéticos en detrimento de las investigaciones sobre la morfogénesis y el desarrollo. La barrera de Weissman o la línea de demarcación entre genotipo y fenotipo no es una condición universal de todos los organismos, tratándose de una característica que ha aparecido independientemente en los linajes de los insectos y vertebrados, en los que se da una determinación temprana de la línea germinal [179]. No obstante, debieron existir condiciones que favorecieron el establecimiento de esta barrera, una de las cuales es proteger a los organismos contra la herencia de características adquiridas manteniendo la flexibilidad evolutiva. La herencia de características adquiridas puede constituirse en una ventaja para los llamados organismos inferiores (bacterias, protozoarios unicelulares, asociaciones ulticelulares, co-

⁸Esta última visión está ampliamente desarrollada por Dawkins en su libro “*El fenotipo extendido*”.

lonias, invertebrados marinos, hongos, plantas . . .) mientras que, por el contrario, en los que hay una alta especialización somática dada por un proceso de ontogénesis complejo, las modificaciones transitorias adquiridas por la interacción con el entorno podrían desestabilizar las estructuras en caso de heredarse.

Para los organismos en que hay esta barrera, el fenotipo no es sino el organismo en desarrollo desde las primeras divisiones del huevo hasta la senescencia pasando por los estados juveniles y la madurez. Por tanto, se trata de un concepto que se refiere a un proceso de cambio irreversible que define a los organismos vivos, no tanto como entidades abstractas, sino como sistemas dinámicos, o trayectorias que describen un ciclo de vida. La transición de la forma analógica (fenotipo) a la digital (genotipo) es un proceso que tiene lugar a nivel poblacional por medio de la reproducción sexual donde se generan nuevas combinaciones genéticas características de los nuevos organismos. Mientras que el paso de la forma digital (genotipo) a la analógica (fenotipo) esta representado por el proceso de ontogénesis o desarrollo que permite la individuación o realización espacio-temporal de los individuos.

El huevo fertilizado aprende a auto-construirse por medio de la lectura del texto en el DNA y de este modo contribuye a la supervivencia de su especie [158]. La estructura celular participa activamente en su propio desarrollo [182, 183]. No obstante, la información análoga contenida en la estructura celular no forma parte de la descripción digitalizada en el DNA. En otras palabras, la información en el DNA no hace nada por sí misma, a menos que un operario activo la lea e interprete. Los registros en forma digital no intervienen directamente en las transacciones energéticas propias de las interacciones biológicas. Por ejemplo, Goodwin criticó la interpretación del DNA como un programa de computación que dirige la ontogenia, puesto que el huevo debe entenderse como un participante activo y autónomo en el establecimiento de los campos morfogenéticos [184].

El programa de la biología del desarrollo se resume en la búsqueda de leyes que permitan entender la construcción de fenotipos. Se ha querido ver la existencia de una correspondencia bi-unívoca entre genotipo y fenotipo donde cada gen sería el responsable de un rasgo fenotípico, y por tanto el fenotipo correspondería a la suma de las características expresadas por el conjunto de genes. Este planteamiento deja de considerar las posibles interacciones entre el entorno y el organismo a lo largo del proceso epigenético ó de desarrollo, a la vez que no explica la emergencia de propiedades o funciones que surgen a consecuencia de la interacción entre complejos proteicos.

Por otra parte, los fenotipos no pueden descomponerse en una contri-

bución separada del genotipo y del medio. Lo que un organismo es en un momento particular depende tanto de su constitución genética como del medio ambiente en que tiene lugar el desarrollo. Los mismos genotipos en entornos diferentes presentan historias diferentes, así como diferentes genotipos en un mismo ambiente se desarrollaran de modo diferente. Lewontin ha sugerido el concepto de “norma de reacción” para entender la relación entre gen, medio ambiente y organismo [18]. La “norma de reacción” de un genotipo es el conjunto de fenotipos que podrían manifestarse cuando el genotipo se desarrolla en medio ambientes alternativos.

Las perspectivas centradas excesivamente en lo genético (DNA y filogenias) encuentran su fundamento en la visión mecanicista y determinista de la ciencia clásica, en la cual un observador externo registra los fenómenos sin hablar del proceso que da lugar a la formación de los registros y a los propios fenómenos registrados. Se toma el DNA como el registro dado que contiene el programa que obedecen los organismos. Esta perspectiva ha permitido una gran acumulación de información, sin embargo debemos ser conscientes de sus limitaciones las cuales se expresan cuando constatamos las dificultades para establecer una teoría sobre la relación genotipo-fenotipo. Una teoría de los fenotipos permitiría ver los organismos como agentes codificadores y usuarios de la información. La formulación de una teoría de los fenotipos choca con las dificultades que impone el incluir al observador en la descripción.

El desarrollo de esta teoría implica una integración de lo catalítico en lo molecular, lo ontogenético a nivel organísmico y lo ecológico a nivel de poblaciones, dentro de una visión dinámica en la cual el sistema observador natural (el fenotipo) participa en la generación de los registros que especifican la ontogenia de su descendencia futura⁹. Igualmente, a medida que transcurre el proceso de desarrollo, el fenotipo en consulta permanente con el entorno, participa modulando y coordinando la expresión génica a lo largo de su propia trayectoria ontogenética.

3.15. La ontogenia de un observador interno

La aplicación del modelo de los sistemas colectores y usuarios de información a sistemas materiales que convierten información analógica en digital elimina de un modo definitivo las explicaciones vitalistas aunque preserva la idea

⁹Los genes se someten a prueba a nivel de la población y los individuos que portan los mejores al cruzarse los transmiten a su descendencia, a diferencia del Lamarckismo que veía esta optimización a nivel del organismo individual, exclusivamente.

de la actividad cognitiva asociada a la vida. Todos los modelos anteriores consideraban a los demonios de Maxwell como entidades ideales carentes de una realidad corpórea y por lo tanto resultaba imposible imaginar su participación en los procesos de extracción energética. Por el contrario el modelo de Zurek que considera los demonios como sistemas materiales abiertos ubicados lejos del equilibrio, permite la extrapolación a la biología evolutiva y del desarrollo. Cada estadio de desarrollo se caracteriza por una manifestación precisa de los componentes informativo analógico y digital.

Examinemos la curva de disipación de entropía por unidad de masa contra tiempo de desarrollo propuesta por Salthe[30], tenemos de izquierda a derecha: A: Desarrollo temprano, B: Madurez, y C: Senescencia (figuras 1.3 y 3.18).

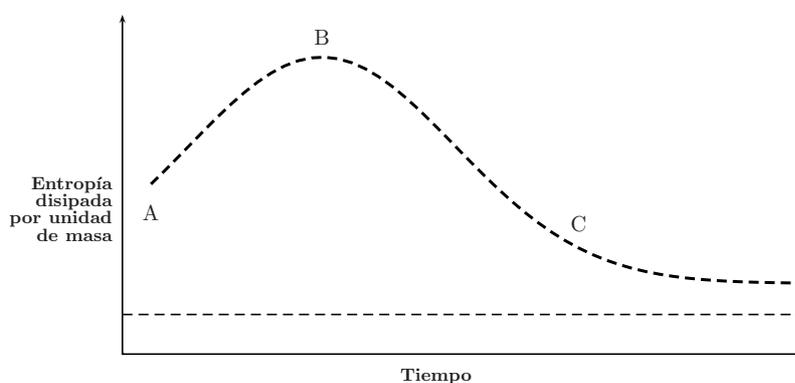


FIGURA 3.18. Entropía disipada por unidad de masa a lo largo del tiempo de desarrollo de acuerdo a Salthe[30]. La fase A, corresponde a estadio de desarrollo temprano ó el estadio donde predomina la información analógica. La fase B, corresponde a la madurez ó estado donde la conversión analógico/digital es máxima. La fase C, corresponde a la vejez ó estadio en que predomina la información digital.

Propongo que al inicio se da una influencia predominante de la información analógica (lado izquierdo) y a medida que transcurre el desarrollo crece la influencia de la información digital (lado derecho).

- A) Estadio de desarrollo temprano, lejanía del equilibrio y predominio de la información analógica.

El proceso se inicia con una tensión entre el IGUS y su entorno, que se manifiesta en un potencial para establecer acoplamientos y corresponde por tanto a los máximos valores de H . De aquí en adelante se espera un decrecimiento de esta potencialidad a medida que se pasa

de la totipotencia a la especialización. H expresa el potencial de establecer interacciones o reconocimientos analógicos y tiende a decrecer a medida que los acoplamientos se van instaurando; entre más acoplamientos se establecen menos acoplamientos nuevos pueden ocurrir. La medición obliga a establecer distinciones forzado por la tendencia de acoplarse con algo dejando las otras opciones sin posibilidad. Los acoplamientos en su etapa reversible o en presencia del estímulo o referente externo dan lugar a cambios irreversibles en la medida en que se afectan procesos internos que inciden sobre la expresión del registro genético. Aplicando la función de entropía física de Zurek en esta etapa H debe ser muy alta y K muy baja. El contenido de información mutua $K_{(IGUS:entorno)}$, o $K_{(analog:digital)}$ es nulo o muy bajo, en consecuencia la evolución depende de la naturaleza de las condiciones externas y esta orientada a aumentar este valor.

- B) Estadio de madurez, transición del desequilibrio al equilibrio, y máxima conversión de información analógica/digital.

El IGUS puede incitar el establecimiento de nuevos acoplamientos los cuales tienen una mayor probabilidad de involucrar constituyentes estructurales suficientemente semejantes o cercanos en el espacio de formas. En esta etapa hay incremento en el tamaño de K , mientras que H disminuye. Este estadio está colocado a medio camino entre una incertidumbre y una determinación estructural máximas, no obstante muestra una tendencia a optimizar la eficiencia en términos de la extracción de trabajo. El contenido de información mutua $K_{(IGUS:entorno)}$, o $K_{(analog:digital)}$ aumenta y en consecuencia las variaciones evolutivas reflejan un compromiso impredecible entre la naturaleza de las condiciones y la naturaleza de los organismo.

- C) Estadio de senilidad, aproximación al equilibrio y predominio de la información digital.

La constitución interna lleva la versión codificada de algunos referentes externos y permite la estabilización del IGUS en un entorno constante, así se llega al máximo valor de información mutua $K_{(analog:digital)}$, or $K_{(organism:entorno)}$. El cerramiento estructural hace al IGUS cada vez más dependiente de la información internalizada y por tanto menos susceptible de interactuar con nuevos referentes. A medida que la estabilización se va dando, la disipación de entropía hacia el exterior disminuye y el IGUS sufre incrementos internos de entropía que conllevan aumento de redundancia y acumulación de variaciones neutras.

La entropía de Shannon (H) llega a su valor mínimo y los incrementos cada vez más pequeños de K hacen al sistema muy dependiente de su carga informativa que dificulta los cambios energéticos con el entorno y ponen en peligro la estabilidad de la propia estructura. En este estado las mutaciones no tienen relación con las condiciones del medio, es decir son aleatorias y dependen de la naturaleza del organismo que se ha hecho mas predecible y determinado. En el punto final la estructura se degrada destruyendo la barrera interno/externo y permitiendo el retorno de los componentes materiales al medio ambiente.

En la tabla 3.2 la relación IGUS/entorno se representa como una serie de estados cíclicos e irreversibles. El entorno posee una variedad de motivos dispersos que se designan con letras mayúsculas, el orden alfabético indica la contigüidad estructural entre ellos. La contigüidad de los motivos del entorno es directamente proporcional a la probabilidad de ser generado a partir de motivos existentes. La contigüidad de las unidades codificadas por el IGUS se define como la posibilidad de ser producido por un solo paso mutacional a partir de elementos vecinos en el espacio de secuencias [185]. La información codificada en el IGUS esta representada por letras minúsculas. Las variantes neutras recién surgidas se designan con subíndices que denotan el número de pasos neutros hipotéticos que han transcurrido desde que el elemento fue codificado por primera vez. El uso de las diez primeras letras del alfabeto, tanto para el entorno como para el IGUS, sirve para indicar la existencia de acoplamientos cuando se da la equivalencia de letras independientemente del subíndice. La información correspondiente a los acoplamientos equivale al contenido de información mutua $K_{(IGUS:entorno)}$. El cerramiento estructural del IGUS confiere estabilidad haciendo uso de las interacciones establecidas que requieren de la participación de la información codificada. Estas unidades de información codificada pueden presentar diversos grados de redundancia y modificaciones neutras las cuales están representadas por las letras h (alto), m (medio) y l (bajo). No obstante las variantes no acopladas (representadas por x , y , z) varían al azar y tienden a presentar los niveles más altos de redundancia y mayores incrementos de subíndices. El conjunto de variantes igualmente funcionales constituye la contribución principal de entropía interna. La reducción de redundancia da lugar a la emergencia de variaciones adaptativas que aparecen representadas por transiciones de una letra a la contigua en cualquier dirección, por ejemplo de " c_i " a " d_i ", o de " c_i " a " b_i ". Igualmente, los motivos no acoplados pueden conducir a cambios adaptativos, por ejemplo de " x_i " a " h_i ". Esta tabla ilustra una experiencia individual de un IGUS en particular en dicho entorno, y otros IGUS simila-

res en el mismo entorno pueden tener experiencias diferentes. Por lo tanto, el valor del contenido de información mutua IGUS/Entorno para la población es la descripción estadística límite de todos los casos individuales, sin embargo este hecho no debe contribuir al enmascaramiento de la actividad individual.

TABLA 3.2. Interacciones IGUS/entorno que muestran decrecimiento de la entropía de Shannon, e incrementos en la complejidad algorítmica del registro y en el contenido de información mutua. Las letras mayúsculas subrayadas representan los motivos del entorno recién aparecidos. Las unidades codificadas representadas por las diez primeras letras del alfabeto son potencialmente adaptativas, mientras que las representadas por las letras x, y, z no están acopladas y tienden a mostrar una mayor redundancia. Los grados de redundancia están denotados por h (alto), m (medio) y l (bajo). Los subíndices de las unidades codificadas por los IGUS denotan el número de pasos mutacionales hipotéticos que han tenido lugar desde la codificación inicial. Las unidades codificadas representadas por letras minúsculas subrayadas denotan la emergencia de mutaciones dirigidas. El contenido de información mutua IGUS/Entorno equivale a los elementos acoplados

Estadio termodinámico y de desarrollo	IGUS	Entorno	Contenido de información mutua
A. Lejanía del equilibrio (I)	$m.(x_1), m.(y_1), m.(e_1)$	A, B, C, D, E	e
Transición hacia el equilibrio (I)	$l.(x_2), l.(b_1), l.(y_2), l.(d_1), l.(e_1)$	A, B, C, D, E, <u>F</u>	b,d,e
C. Equilibrio (I)	$h.(x_3), l.(b_1), h.(y_3), l.(d_1), l.(e_2), l.(z_1)$	A, B, C, D, E, F	b,d,e
A'. Lejanía del equilibrio (II)	$m.(x_4), l.(b_2), m.(y_4), l.(d_2), l.(e_2), m.(z_2)$	A, B, C, D, E, F, <u>G</u> , <u>H</u>	b,e
B'. Transición hacia el equilibrio (II)	$l.(x_5), l.(b_2), l.(y_5), l.(d_3), l.(e_2), l.(g_1), l.(z_3)$	A, B, C, D, E, F, G, H	b,e,g
C'. Equilibrio (II)	$h.(x_6), l.(b_2), h.(y_6), h.(d_4), l.(e_3), h.(z_4), l.(g_1), l.(h_1)$	A, B, C, D, E, F, G, H, <u>I</u>	b,e,g,h

La disipación de entropía que borra parte de la información existente disminuyendo el contenido de información mutua $K_{(analog:digital)}$, trae como consecuencia una relajación de las restricciones tanto internas como externas favoreciendo de esta manera la continuación del proceso evolutivo. Este fenómeno favorece la evolución al inducir cambios abruptos del entorno que perturban posibles referentes externos. En los nuevos estados algunos de los acoplamientos anteriores pueden dejar de ser relevantes y el IGUS tiende, en consecuencia, a establecer nuevos acoplamientos. Por otra parte las situaciones de estrés aceleran la tasa mutacional y reducen la redundancia interna, facilitando así, la producción de variantes adaptativas. La reducción de la redundancia y la producción de interacciones adaptativas se corresponde con el decrecimiento en la producción interna de entropía.

Esta visión ontogenética del IGUS ayuda a comprender algunas propiedades del proceso filogenético. Retorno enseguida a la discusión sobre la reciprocidad entre la naturaleza de los organismos y la naturaleza de las condiciones como fuentes de variabilidad evolutiva. En la mayoría de las grandes transiciones evolutivas (origen de la vida, aparición de la célula eucariótica, explosión del cámbrico . . . etc.), las variaciones que podían sufrir las entidades vivientes dependían principalmente de las condiciones del medio, pero a medida que las nuevas formas se estabilizaron, sus variabilidad se hizo mas dependiente de su estructura interna o registro genético. Darwin comprendió muy bien el problema del origen de las variaciones y después de considerar muchas razones optó por la naturaleza del organismo.

“Podrían darse ejemplos de variedades similares que son producidas por una misma especie bajo condiciones externas de vida lo más diversas que pueda concebirse; y por otra parte, de variaciones desemejantes producidas bajo condiciones externas que aparentemente son las mismas. Además todo naturalista conoce innumerables ejemplos de especies que se mantienen fieles o que no varían, aunque viven en los climas más opuestos. Tales consideraciones me inclinan a atribuir menos peso a la acción directa de las condiciones circundantes que a una tendencia a variar debido a causas que ignoramos totalmente” [161].

Este enfoque resulta ser parcialmente correcto y esta apoyado por el modelo que considera los organismos como IGUS en sus estadios tardíos de desarrollo cerca del equilibrio. No obstante, nunca debemos olvidar que Darwin intentaba solamente explicar el origen de las especies y dejo sin resolver el problema de las grandes transiciones evolutivas. Existen momentos y etapas, tal vez escasos y rápidos, que pueden no obstante producir un cambio evolutivo de grandes proporciones, en estos pasos decisivos la naturaleza de las

condiciones debió haber jugado un papel preponderante. Al respecto Darwin fue autocrítico cuando escribió:

“En mi opinión el error más grande que he cometido ha sido el de no haber dado suficiente peso a la acción directa del entorno, es decir, alimento, clima, etc., independientemente de la selección natural”, Darwin (1876), carta a Moritz Wagner, Oct.13, citada por Ascot [186].

Por supuesto que esta afirmación se hubiera aplicado únicamente a los organismos en los estadios tempranos de evolución en la lejanía del equilibrio.

3.16. La máquina de Szilard y el borrado de la información

La máquina de Szilard es un dispositivo tipo demonio de Maxwell que permitió relacionar información con entropía, al mostrar que para obtener información por medio de mediciones hay un costo energético que debe ser pagado, o más precisamente, que la adquisición de información sobre las condiciones iniciales en un lugar genera una disipación de entropía que lleva a la pérdida de información sobre las condiciones iniciales en otro lugar. Para calcular la cantidad de energía aprovechable que se puede obtener a partir de 1 bit de información, Szilard imagina una partícula localizada en un cámara flanqueada por dos émbolos, con una cortina movable que sirve para determinar en qué mitad se encuentra [187]. Una vez que se deja caer la cortina (medición) aparece un registro que indica en qué partición se encuentra la partícula. En este tipo de registro se excluye cualquier alternativa intermedia a “derecha” o “izquierda”.

Después de cada medición se establece el registro, y una vez que se ejecuta trabajo absorbiendo calor del entorno durante la expansión, éste se borra debido a que la partícula pasa a ocupar cualquier posición dentro de la cámara [45](véase figura 3.19). El costo del borrado del registro paga la disminución entrópica obtenida durante la medición y por tanto no queda energía aprovechable para realizar un trabajo. La segunda ley no se viola puesto que es necesario borrar el registro antes de cada medición.

El fenómeno de borrado del registro, que aparece como necesario para garantizar la constante actividad de medición, ha dificultado el establecimiento de analogías aplicables a los sistemas vivientes. Con el fin de superar este escollo, debemos recordar que el borrado del registro se asocia con incremento de entropía y por tanto con irreversibilidad. A lo largo de la evolución

hay genes que se han inactivado, que han acumulado mutaciones o han sido eliminados; estos fenómenos claramente constituyen pérdida o borrado de información. Igualmente, los procesos de replicación no fiel conducen a borrados de información que pudieron haber jugado un papel decisivo en las grandes transiciones evolutivas [188]. Estos fenómenos deben haber ocurrido muchas veces dado que la evolución es un proceso irreversible. Como se desprende del experimento teórico de Szilard, y sobre todo de las elaboraciones de Prigogine, la irreversibilidad y el borrado de información están íntimamente asociados. A nivel de la dinámica intracelular, la información directamente accesible en el citoplasma presente en forma de RNA mensajeros se va degradando y borrando a medida que se utiliza. A nivel epigenético habría que considerar las neotenias como borrados parciales de información.

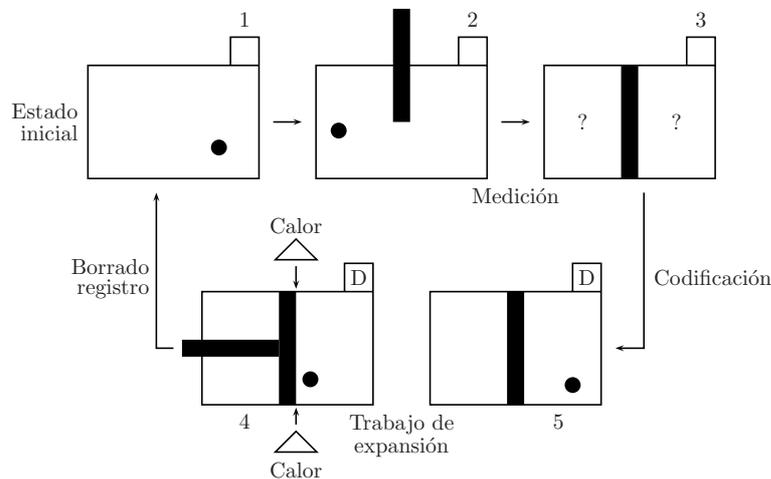


FIGURA 3.19. Máquina de Szilard. Este tipo de demonio de Maxwell ejecuta un trabajo a partir de un (1) bit que informa sobre la localización de una partícula entre dos compartimientos posibles. El costo de borrado del registro es equivalente al que se obtendría por cada ciclo e igual a $T \ln 2$.

Por otra parte, los sistemas vivientes tienen suficiente capacidad de memoria como para no tener que recurrir al borrado total de los registros antes de iniciar una nueva medición. Por el contrario, los sistemas vivientes, lejos de parecerse a cualquier análogo de la máquina de Szilard, precisan la expresión de estos registros durante el desarrollo y de su transmisión a la descendencia. Dados los eventuales borrados de información y los desafíos del entorno los organismos deben poner al día los registros codificados.

La continuidad histórica de estos procesos impide hablar de un borrado

total de los registros codificados. Hay un registro evolutivo, filogenético, que se incorpora y graba en la estructura. Ésta restringe las posibilidades futuras de cambio, y participa de mediciones posteriores. Las estructuras son simultáneamente registros codificados e instrumentos de medición. En los sistemas biológicos la modificación que da lugar a la actualización del registro es aprendizaje. Los registros filogenéticos constituyen el resultado de las mediciones y ajustes estructurales, pero no la información que como tal fue tomada en cuenta y procesada en el lapso de tiempo en que ocurrió la bifurcación. Lejos del equilibrio, la disipación de entropía procede a tasas muy altas y las fluctuaciones se incrementan sin dejar registro o huellas de las condiciones iniciales. En estos momentos críticos debió de haber pérdida casi completa de información, lo cual explica la dificultad de reconstruir la historia evolutiva con un alto grado de resolución. De ahí que las grandes transiciones y la aparición de las diversas divisiones taxonómicas solamente puedan ser datadas dentro de un amplio margen de error. Las decisiones en los momentos de bifurcación se fundamentaron en información que en el presente esta borrada, dado el carácter irreversible del proceso evolutivo.

Como vimos, la irreversibilidad de Weismann en el proceso de transformación del plasma germinal a células somáticas se da justamente porque al haber repartición no equitativa de los *Ids* en la división celular, las células hijas han sufrido pérdida de parte del material hereditario. Aunque su hipótesis no resultó ser cierta, tuvo la intuición de asociar correctamente pérdida con irreversibilidad. Para el caso del desarrollo epigenético, la “pérdida” correspondería a silenciar o reprimir diferencialmente la expresión de los genes.

3.17. Mecanicismo y evolucionismo, ¿incompatibles?

Lograr una descripción mecanicista del proceso evolutivo es imposible, a menos que se conozcan todos los eventos y correlaciones que tienen lugar en un momento determinado. La imposibilidad de este tipo de descripciones tiene que ver con los siguientes hechos:

- a. El borrado de información. Si se conociera el contenido de la “caja negra” que registra los accidentes históricos, se posibilitaría una descripción mecanicista. Sin embargo, la información de esta caja debe haberse borrado, en mayor o menor medida, a consecuencia de la disipación entrópica. El hecho de que toda ganancia en información tenga que ser pagada con un aumento de entropía, hace que sea físicamente

imposible obtener un conocimiento que permita predecir un comportamiento determinista.

- b. La existencia de límites en la discriminación y en la capacidad de recepción de información. Los agentes físicos de medición despliegan rangos de discriminación finitos y limitados aunque pueden ser insospechadamente amplios. Entre más especificidad se introduce en la descripción, ésta se hace más circunscrita y local. Los motivos pertenecientes a otras escalas se van haciendo más imperceptibles entre más alejados estén los niveles de organización. El reconocimiento específico a nivel local implica un aumento de la incertidumbre sobre eventos que ocurren más allá de su esfera de acción.
- c. Dentro de un mismo nivel de organización, la velocidad de transmisión de señales es finita, haciendo imposible un conocimiento global instantáneo. La difusión de gradientes químicos en el citoplasma, la difusión de mensajeros químicos en el torrente sanguíneo, la difusión aérea de sustancias volátiles, la transmisión de impulsos eléctricos, la emisión y recepción de fotones, etc., operan a velocidades finitas así sean muy altas.

Por estas razones, los eventos que tienen lugar al nivel de lo micro (inmediato y local) tienden a ocurrir sin coordinación y de un modo asincrónico, impidiendo la definición de relaciones entre ellos. Es decir, que al menos en un comienzo, las instancias de regulación o control dadas por los niveles superiores estuvieron ausentes. Pero, tal como vimos, mientras no se establezcan acoples, se imposibilita la producción de una descripción digitalizada.

Las acciones a escala micro tienen una vaguedad o imprecisión intrínseca en el sentido de Peirce, y cuando se convierten en un registro definido generan una nueva incertidumbre, como efecto del aumento en la entropía disipada que da continuidad al flujo energético. Las acciones micro en ausencia de descripciones simultáneas universales son intrínsecamente contingentes, circunstanciales y asincrónicas, lo cual constituye un hecho primario irreducible. Por tanto existe un contraste entre la ambigüedad en la actividad micro y el rigor en la definición del registro. Sin embargo, el hecho de que cada acción efectuada por un observador interno tienda a satisfacer la ley del medio excluido (eliminar la indecisión) en la elaboración del registro, contribuye necesariamente a la generación de otra situación, a donde se transfiere la ambigüedad, incertidumbre, o indefinición. En conclusión, la consistencia lógica del registro se va definiendo en una serie de ajustes estructurales o

compromisos, a la vez que hay una generación permanente de nuevas incertidumbres. De este modo coincidiría con Matsuno y Salthe, al señalar que la causa de la incertidumbre de los eventos locales reside en la necesidad de respetar la ley del medio excluido [88].

Según estos autores, la dinámica interna o actividad a nivel de lo micro e inmediato actúa como causa eficiente de la actividad coordinada a nivel universal y, al mismo tiempo, como causa final que garantiza la consistencia a largo plazo. La actividad interna debe darse constantemente para poder explicar el cumplimiento de la ley del medio excluido en los registros; es decir, los conflictos entre las diferentes versiones parciales y circunscritas deben resolverse para que pueda haber coherencia a nivel macro. Deben existir muchas maneras de lograr esta coherencia y en cada caso particular los umbrales de detección, propios de un agente interno, establecen límites a la observación, dentro de los cuales se va definiendo la exclusión de las alternativas intermedias. Además, la exigencia del contexto puede polarizar una indefinición forzando su resolución. Existe por tanto una relación causa efecto entre la descripción o producción de registros y la dinámica interna a escala micro. Por el contrario, en el mundo idealizado y sin fricción del mecanicismo se asume gratuitamente que las descripciones no interfieren con el proceso que tratan de describir.

El tránsito de lo micro (aleatorio, discontinuo, asincrónico, circunstancial) a lo macro (ordenado, continuo, sincrónico, general) se hace gracias a la medición y la elaboración de descripciones. Igualmente, por medio de una descripción se transforma algo impreciso en un registro definido, ascendiendo en la escala de jerarquías. Los niveles superiores facilitan la producción de descripciones abreviadas de los inferiores.

De acuerdo con el mecanicismo, la consistencia de las descripciones generales debe mantenerse constante a lo largo del tiempo, haciendo que los eventos descritos se conciban como necesariamente reversibles. Las descripciones mecánicas serían consistentes únicamente si los objetos permanecieran inalterados y, por ende, no son aplicables a procesos evolutivos. Si como afirma Prigogine la reversibilidad impide la inclusión física de la dimensión histórica de los procesos; nos vemos obligados a aceptar que la historicidad de las descripciones emerge a nivel de la dinámica interna. Más aun, podría sostenerse que el proceso de producción de una descripción se convierte en la causa de la evolución, debido a que para poder producir descripciones simultáneas a escala micro requiere una serie indefinida de descripciones que tratan de ponerse al día, monitoreándose constantemente para superar las interferencias o contradicciones que aparezcan entre ellas.

Los procesos evolutivos están bajo la influencia de relaciones causales provocadas por las dinámicas a escala micro, en abierta contradicción con las aproximaciones mecanicistas, en las que las causas de lo nuevo siempre son externas al sistema de descripción. El mecanicismo entiende la evolución de la vida en función de perturbaciones externas, puesto que lo interno se concibe como una caja negra que se comporta de manera aleatoria. En otras palabras, la selección entendida mecánicamente no da espacio al problema de la generación de variación, debido a que para un observador externo no hay conexión entre la selección y la aparición de variación. En conclusión, el primer paso para superar la explicación mecanicista es el reconocimiento de una relación causal entre las descripciones y la dinámica interna a escala micro.

Por otra parte, los análisis mecanicistas están asociados a una lógica formal externalista. No obstante, la lógica formal es insuficiente para producir descripciones macro a partir de las micro, a menos que se piense que los parámetros que afectan el proceso evolutivo son invariables. Sin embargo, se puede atribuir una constancia relativa al registro, convirtiéndolo de esta manera en objeto de las descripciones precisas que pueden expresarse usando lógica formal.

Pero la relación existente entre el registro y su descripción es dinámica; a medida que el registro se va estableciendo, su contenido va variando. Cuando se necesita un nuevo término descriptivo para representar el resultado de alguna propiedad emergente, el contenido del registro descrito en términos de lógica formal debe ampliarse a fin de poder incluir los nuevos predicados.

El problema consiste en cómo imaginar una lógica que dé cuenta de la habilidad para encontrar los predicados que deben incluirse en una demostración. De acuerdo con este planteamiento, esta lógica permitiría formalizar los procesos de selección de los patrones o varas de medida, haciendo que los procesos que hoy en día son no formalizables, eventualmente puedan llegar a serlo. El papel de esta lógica sería el de definir el espacio para el funcionamiento de la lógica formal demostrativa, permitiendo la formalización de las descripciones evolutivas. Esta lógica evolutiva necesariamente estaría ligada a la dinámica interna, de la misma manera que la formal está ligada con la externa, y es imprescindible para poner al día el contenido de las descripciones.

La lógica internalista debe tener la capacidad de resolver las contradicciones entre las diferentes descripciones parciales, contradicciones que se producen a consecuencia de forzar distintas resoluciones de la ley del medio excluido durante las transiciones de lo micro a lo macro. La introducción de operadores lógicos internos que monitorean la eliminación de ambigüedades

a lo largo del proceso, no excluye el uso de la lógica demostrativa para las descripciones acabadas.

La diferencia entre las lógicas formal externalista y evolutiva internalista radica en el carácter emergente de la segunda. La emergencia consiste en la aparición de una situación que requiere la definición de un nuevo predicado debido al establecimiento de una nueva relación. Este fenómeno va más allá de la lógica formal. La lógica demostrativa trabaja por asociación y disociación de los predicados preexistentes y es incapaz de generar predicados nuevos e irreducibles. La emergencia evolutiva no se explica a nivel de la lógica formal, aunque la demostración sea muy extensa. Por el contrario, la complejidad descriptiva propia de una lógica evolutiva internalista explica la emergencia como resultado de la necesidad de establecer compromisos entre descripciones transitorias y circunstanciales a escala micro y debería por tanto ser capaz de describir los compromisos que satisfacen temporalmente la ley del medio excluido.

El reconocimiento explícito de las perspectivas internalistas y externalistas nos remiten al problema de la complejidad. La generación de sistemas complejos requiere procesadores endógenos o agentes que establecen compromisos respetando las leyes físicas. A partir de estas decisiones podemos generar registros universales a escala macro, útiles para someter a prueba las hipótesis.

Para concluir, la imposibilidad física de tener en la naturaleza un agente descriptor a escala universal tipo “Demonio de Laplace”, contrasta con la posibilidad de tener agentes descriptores a escala local tipo “demonios de Maxwell”. La prioridad lógica queda a cargo de éstos y no de aquel.

3.18. Hacia una semiótica de la naturaleza

Los agentes interpretantes poseen algún sistema de representación que les permite generar una imagen interna del entorno que experimentan. En consecuencia, pueden anticipar regularidades del entorno según las regularidades de su patrón interno. Cohen[189] sostiene que el sistema inmune tiene una sorprendente capacidad para responder de manera efectiva ante antígenos desconocidos, justamente porque ha desarrollado la capacidad de aprender a distinguir lo extraño, como resultado de la generación de una representación química del mundo antigénico al cual ha sido previamente expuesto. De acuerdo con este autor, la selección antigénica que efectúan las células clonales estaría ajustada a la experiencia antigénica previa de cada individuo durante su desarrollo y maduración. En este caso, la experiencia se fija

genéticamente en la correspondiente línea celular, pero no es heredable a la descendencia del individuo.

La capacidad de aprender es inherente a los seres vivos, y desde muy temprano fue incorporada en la filogenia. No obstante, esta capacidad no los exime de equivocaciones. Con base en esta lógica, también cabe la extinción de los organismos cuando los cambios externos son drásticos o catastróficos, es decir imprevisibles. Evolutivamente no hay conocimiento *a priori* independiente de la experiencia. Los seres vivos fueron aprendiendo, elaborando registros, generando patrones de conectividad (adaptándose) durante la evolución. De esta manera, las estructuras presentes llevan módulos o improntas de las “mediciones y ajustes” que se efectuaron en la filogenia. Como contrapartida, en la ontogénesis sí hay conocimiento *a priori*, que está dado por patrones de reconocimiento incorporados a la estructura de partida (heredados). Hay patrones innatos que seleccionan del mundo externo los elementos que forman parte de la experiencia perceptiva y del mundo de interacciones. A partir de este conocimiento *a priori*, nuevos tipos de estructuraciones y patrones de reconocimiento pueden producirse, algunos de los cuales podrían llegar a fijarse genéticamente.

Esta fijación se da tanto por acción del entorno como por la estructura en cuestión. El entorno es también estructura en proceso de organización. En un ambiente constante, las mismas respuestas y reacciones pueden aparecer, y generar una respuesta canalizada. Así, se escoge dentro de las variantes genéticas aquellas que corresponden mejor con este tipo de respuesta. Se trata de reiteración de la interacción con ajuste recíproco. La serie de interacciones, con los consiguientes reacomodamientos estructurales que tuvieron lugar en la filogenia, se repite en la ontogénesis; pero para que ello sea posible es indispensable la interiorización y recreación simbólica de los distintos medios en que emergió el sistema, es decir, la actualización permanente de códigos epigenéticos (patrones de reconocimiento celular, gradientes de posición, etc.). La historia evolutiva está incorporada en la estructura biológica como una totalidad, y no sólo en el genoma, y las transiciones fundamentales recreadas en su fase pluricelular en la secuencia de etapas epigenéticas.

La ignorancia remanente en el sistema observador y la perturbación o indefinición provocada como resultado de las mediciones internas dan lugar a la incertidumbre que se trata como azar. Éste es necesario para dar cuenta de las innovaciones y aparece como común denominador en los procesos de aprendizaje y evolución. ¿Significa esto que, a pesar de todo, un tipo de inteligencia ha estado indisolublemente ligada a los procesos de cambio biológico? Darwin pasó por alto la posibilidad de ver en el azar el concepto que conservaría la idea de una mente immanente a los sistemas vivos, al

hacer una lectura mecanicista de esta noción. Por el contrario, para Bohm este azar es la expresión de un orden básico constitutivo del universo y legitimaría la reintroducción de la mente en los procesos naturales [190].

Ha sido característico de la tradición científica la eliminación total de la capacidad cognitiva en los sistemas materiales. La ruptura cartesiana entre sujeto y objeto produjo que la capacidad cognitiva quedara monopolizada por parte del sujeto, quien identifica exhaustivamente al objeto desde afuera. En conclusión, las aproximaciones externalistas son el resultado directo de esta ruptura. Todavía hoy, la influencia del planteamiento cartesiano es patente en nuestra cultura, que sigue presentando al hombre como el único agente cognitivo. El observador humano debe despojarse de la pretensión de ser el único agente cognitivo, y por tanto aceptar que no podemos definir el mundo de interacciones y experiencias propio de las otras formas de vida. Aunque “las otras formas de vida” son parte de las categorizaciones que establecemos, la representación que “ellas” construyen es independiente de nuestra actividad humana. No obstante, la diferencia radica en que el hombre cuando crea su propio mundo de representaciones puede incluir su propia versión sobre cómo las otras entidades se representan sus respectivos mundos de experiencia.

3.19. Limitaciones de la teoría de la información

Las discusiones precedentes llevan a afirmar que en la dinámica de las interacciones ocurre creación, emisión, transmisión, recepción e interpretación de la información; además, en cada instancia se puede presentar degradación de la misma. Sin embargo, dado que la vida se mueve en una compleja malla de interacciones, la creación de información se confunde fácilmente con transferencia de información, dando pie a argumentaciones de tipo instructivista. La visión seleccionista tradicional, que no incluye la reciprocidad en la variación azarosa y los factores deterministas, cae de hecho en el instructivismo, o sea en la concepción de los organismos como entes que obedecen pasivamente las instrucciones del entorno. La transmisión de información de fuente a receptor, tipo Shannon, constituye únicamente la descripción de un paso elemental (atómico) dentro de una red compleja de interacciones.

Hablar de transferencia de información supone que se han identificado sin ambigüedad la fuente, el canal y el receptor. Como se explicó, desde un punto de vista lógico no se puede identificar el DNA con la fuente exclusiva, pues su expresión y patrones de rearreglo dependen del contexto proteínico y celular. La visión de los sistemas vivientes como codificadores de infor-

mación vería en el DNA el producto o registro de experiencias anteriores y no sólo la fuente de información. Obviamente, desde una perspectiva ontogenética el DNA es la fuente de información, pero la perspectiva filogenética nos permite verlo como un resultado histórico de un proceso dinámico de creación, procesamiento y degradación de información.

Una misma señal puede interpretarse de modo diferente en función de su receptor. La información implica que el receptor está en capacidad de distinguir señal de ruido, descifrar los signos del mensaje y establecer una relación entre ellos. El receptor define el contexto. Interpretar el mensaje es esclarecer el sentido que transmite o sea el cumplimiento de una función.

Los demonios de Maxwell no se conciben como meros receptores pasivos de información, sino principalmente como generadores, procesadores, modificadores, usuarios y degradadores de la misma, con miras a una utilización más eficiente de la energía. En este punto convergen tanto la capacidad de procesamiento de la información, como la eficiencia en la extracción de trabajo por parte de los sistemas biológicos. Ambas características son inseparables y conducen a lo que en términos darwinianos se conoce como tasas de eficacia biológica. Por tanto, la supervivencia diferencial es consecuencia de la eficiencia en la creación y utilización pragmática de la información para la optimización del flujo energético o de la capacidad de extraer trabajo físico, que en últimas depende de la elección de estándares de medida.

De acuerdo con la propuesta de Zurek, la eficiencia depende del grado de compresibilidad del código. Pero comprimir códigos puede convertirse en una tarea llena de riesgos que no se justifica. Además, según Chaitin, no hay manera lógica de demostrar si una descripción aleatoria es comprimible o no, puesto que podría ocultar algún patrón ordenado que escapa al agente observador. La escogencia de los patrones de medida se efectúa a nivel micro como consecuencia de la dinámica interna. El motivo estructural escogido como patrón de medida permite la compresión de registros a lo largo de la evolución o afinamiento adaptativo.

Desde la perspectiva de la observación interna, las dicotomías “seleccionador - seleccionado”, “organismo - entorno”, “sujeto - objeto”, “observador - observado”, “receptor - fuente”, “mente - materia” pierden sentido, debido a la bilateralidad del proceso interno de medición. Sin embargo, estas dicotomías tienen su razón de ser desde la posición externalista, derivada del mecanicismo. Las teorías de información de Shannon y de Brillouin no superan estas dicotomías, puesto que ambas están interesadas únicamente en la incertidumbre del mensaje —en la fuente y en el receptor respectivamente— pero ninguna propone aspectos de *Terceridad*, tales como ciclos de retroalimentación y dinámicas autoorganizantes.

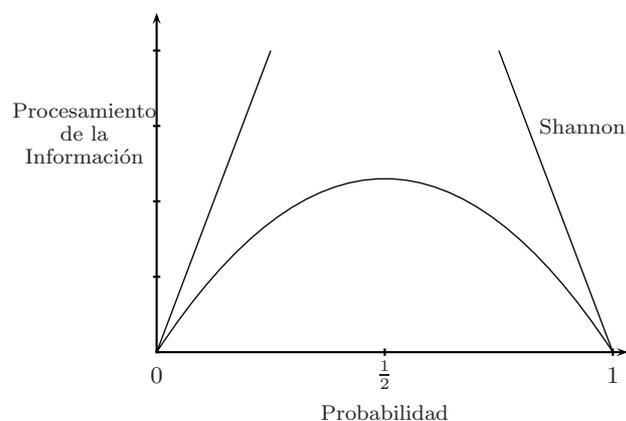


FIGURA 3.20. Curva Información en función de la probabilidad. La información efectiva tienen dos componentes, novedad y confirmación. El máximo se da cuando ambos componentes están balanceados, es decir, cuando $P = \frac{1}{2}$.

Desde el punto de vista de un agente procesador de información, el paso de la aleatoriedad (incertidumbre externa) al orden (regularidades codificadas) se hace a través de la medición y elaboración del registro, y el paso del orden (registro codificado) al azar (variación estructural aleatoria) por medio de la mutación. Pero, como vimos, la mutación también puede darse como consecuencia de la medición. De esta manera, la vida es un diálogo permanente entre principios disipativos y restrictivos. La transición de potencialidad a la actualidad es debida a la medición; igualmente, el paso de primero a segundo requiere un tercero. Los humanos no somos los únicos en medir y elaborar registros; toda entidad viviente lo hace. Por tanto, al reconocer que las entidades vivientes producen una representación subjetiva de su entorno (*Umwelt*) nos evitamos personificar a la naturaleza (véase figura 3.20).

No hay diferencia física entre entidades que actúan como agentes de medición y otras que son objeto de medida. Todas, en una u otra forma, miden y son medidas; todas pueden ser procesadores de información (receptores, generadores y emisores) por cuanto son susceptibles de ajustar su estructura dentro de una red de interacciones. En este sentido, a nivel molecular las enzimas (proteínas) muestran una especialización como entidades que ejecutan mediciones, y el DNA como la cinta en que se registra la codificación. Sin embargo, esta distinción no se aplica para las moléculas de RNA, que además de actuar como mensajeros de información; cumplen funciones

catalíticas ampliamente demostradas [191]. Las enzimas operan como demonios de Maxwell y su capacidad selectiva por sustratos específicos les permite discriminar unas moléculas y, de este modo, canalizar los flujos de energía a través de rutas muy definidas.

La teoría de la información de Shannon es muy limitada, al no tener en cuenta ningún tipo de retroacción cibernética, a pesar de que autores como J. B. Lamarck ya habían avanzado propuestas en este sentido [160]. Tanto el observador como la fuente de información estarían mejor representados en entidades físicas sometidas a una densa red de interacciones, en las que simultáneamente desempeñan el papel de fuente y receptor. Cada nivel de organización es como una red de subsistemas o agentes observadores (inteligentes), que al tratar de informarse sobre su entorno externo llegan a compromisos o consensos, creando su mundo objetivo de experiencia, ajustando sus estructuras a las exigencias del patrón de la red y pasando de una versión individual de la realidad a una consensual o compartida. Un mundo subjetivo de orden superior se crea por entidades del nivel inferior que están midiéndose y chequeándose permanentemente entre sí. De este modo, los consensos entre las microentidades constitutivas dan lugar a los códigos que definen los márgenes de variación permisibles o a las restricciones propias del sistema.

3.20. Complejidad

Durante la última década se ha venido discutiendo en torno a la complejidad, sin que se haya llegado a un consenso sobre la definición de este concepto o lo que esta palabra designa. En general, se tiende a asociar complejidad con el número de componentes, o la cantidad de elementos que interactúan en un sistema determinado.

Sin embargo, revisando las propuestas existentes, encontramos dos que contrastan por el carácter aparentemente antagónico de su contenido. Para Prigogine, la complejidad está asociada a la autoorganización, la transformación y aumento de la información. La complejidad es proporcional al incremento de fluctuaciones, que ocurre a causa del alejamiento del equilibrio termodinámico. Por otra parte, para Chaitin la complejidad tiene que ver con la longitud del programa más abreviado que describe un sistema determinado; de este modo, aleatoriedad y complejidad van asociadas. Aplicando este concepto a un sistema termodinámico en equilibrio, resulta que, debido a su máximo grado de azar microscópico expresado como máximo de entropía, equivaldría también a una complejidad máxima.

La antinomia entre estas dos concepciones de complejidad ha llevado a algunos a postular que algo anda mal en este tipo de debates, que tal como se han venido desarrollando es difícil prever su fecundidad a largo plazo y que lo único que han hecho es dejarnos una sensación de perplejidad [192]. No obstante, cualesquiera que sean las contradicciones en la definición de la complejidad, el solo hecho de que haya numerosas acepciones en discusión, muestra que estamos ante problemas de actualidad y que es necesario darle un giro a estas discusiones, con el ánimo de alcanzar un mejor entendimiento del problema.

Para comprender el giro que deben tomar estas perspectivas, examinemos qué hay de común en ellas. En la concepción dinámica de la complejidad de Prigogine, se asume como nivel de referencia un observador externo que trata de estimar el aumento de información, o las disminuciones entrópicas a consecuencia de la autoorganización, que se da al interior del sistema objeto de descripción. El problema consiste en que el observador externo únicamente se percata de las fluctuaciones que se han amplificado y provocado cambios en los parámetros del sistema macroscópico, mientras que sólo un observador interno podría evaluar la dinámica de las fluctuaciones a escala microscópica. Igualmente, para Chaitin, quien describe la complejidad de una secuencia de símbolos, es un observador externo que intenta encontrar regularidades que le permitan diseñar un algoritmo para comprimir la descripción.

Propongo que la separación observador-sistema, está en la base de las contradicciones en la definición de la complejidad. Precisamente la relevancia de las discusiones en torno a la complejidad radica en el hecho de que estamos ante una propiedad que no es definible asumiendo una separación entre el observador y el sistema observado. La teoría de la complejidad surge como una necesidad para resolver los problemas suscitados a raíz del predominio de una visión que ha negado reiteradamente la existencia de los observadores naturales internos y, por consiguiente, el carácter participante de su observación.

La complejidad no pretende definir una propiedad intrínseca del sistema objeto de estudio. La complejidad emerge en la interacción entre diversas entidades, y es análoga a la relación entre sujeto-objeto, observador-sistema observado y organismo-entorno. Si estimamos desde la perspectiva de Shannon los bits de información en secuencias de símbolos, obtendremos el mismo valor para cualquier secuencia que tenga el mismo número y tipo de símbolos, sin que este dato permita inferir algo sobre la calidad de la información, ni sobre su sentido o su funcionalidad. Según Shannon, para el observador externo, en ambos casos el número de preguntas que debe formular para

discriminar el objeto es el mismo. Por el contrario, para Brillouin, la información debe corresponder a propiedades intrínsecas del objeto o sistema de estudio, por lo cual se trata de correlacionar con su orden estructural interno o alejamiento de la entropía máxima.

Pasar de la perspectiva del observador (Shannon) a la del objeto de referencia (Brillouin) en nada soluciona el problema de la calidad o efecto funcional de los contenidos informativos. Igualmente, la cantidad de bits necesaria para describir un mensaje no contribuye a discernir sobre el mayor o menor grado de orden en el sistema que genera el mensaje. Por esta razón, lo relevante es la estimación de la información que un determinado sistema organizante como agente autónomo es capaz de recibir, procesar y emitir. De esta manera se señala la dirección en que esta problemática debe abordarse. Según Shannon, cuando la probabilidad es cero ($P = 0$) hay máxima incertidumbre en la fuente y por tanto tendremos el máximo de información. Por otro lado, a medida que aumenta la probabilidad, va disminuyendo la incertidumbre y, por tanto, el contenido informativo también va disminuyendo, hasta llegar a $P = 1$, donde, al no haber alternativas a elegir, el contenido informativo es cero. Desde la perspectiva de Brillouin, tenemos que entre más probable sea el evento, más información tiene y que la información que puede dar disminuye con la probabilidad. Examinemos la curva información contra probabilidad, donde el máximo de información corresponde a una probabilidad de $\frac{1}{2}$, siendo nula para los casos en que $P = 0$ según Brillouin y $P = 1$ según Shannon. El máximo de información se presenta cuando $P = \frac{1}{2}$; en otras palabras, cuando hay una mezcla de incertidumbre y expectativa de orden y desorden, cuando el mensaje es en parte previsible y en parte sorprendente. La parte derecha del gráfico se comporta de acuerdo con Shannon y la izquierda de acuerdo con Brillouin. Este gráfico muestra cómo la dinámica propia de la autoorganización se da justamente cuando la utilización pragmática de la información alcanza el máximo, pasando del extremo de lo novedoso al de la confirmación; de lo desconocido e inestable, a lo conocido y estable. En el extremo $P = 0$ donde todavía no hay información utilizable como tal, tenemos sin embargo la potencialidad, el caos, la mutación neutra, la máxima disipación de entropía. En el otro extremo $P = 1$, tampoco hay información utilizable, porque todo es lo dado, la reiteración de lo conocido, el equilibrio, el orden, la mínima disipación de entropía, el estatismo. Pasamos de izquierda a derecha por selección y en la dirección reversa por mutación aleatoria. Sin embargo, los dos procesos se dan permanentemente, debido a la dinámica del proceso de autoorganización. Pero tanto la selección como la mutación no son necesariamente instancias separadas, sino que surgen como consecuencia del acto de medición.

En este punto, entre el orden y el desorden se daría el máximo de complejidad, vista como una utilización y transformación de la información, desde la perspectiva del mismo agente autoorganizante o autopoiético (véase figura 3.21).

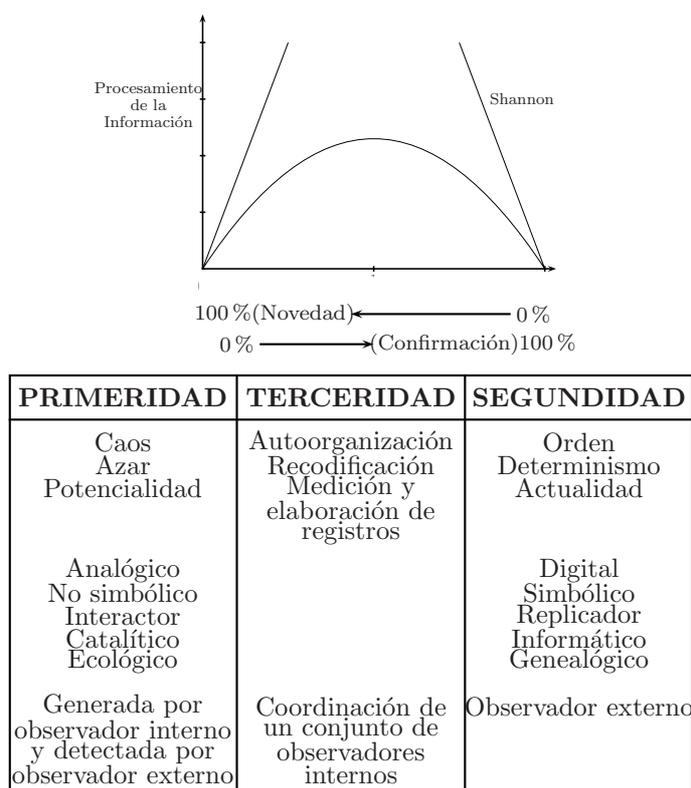


FIGURA 3.21. Curva información vs. probabilidad y categorías peircianas. La “Terceridad” corresponde al punto de mayor procesamiento de la información. La “Primeridad” corresponde al 100% de la novedad y la “Segundidad” al 100% de la confirmación.

Ilustremos con un ejemplo el hecho de que los sistemas biológicos se ubican entre el orden y el desorden. Examinemos las cuasiespecies¹⁰ moleculares a nivel de poblaciones de RNA replicante. El estudio *in vitro* de los procesos de selección sobre poblaciones de fagos permitió mostrar modificaciones

¹⁰Si tenemos una molécula replicante *in vitro*, se producirán un conjunto de secuencias que varían con respecto a una secuencia maestra que define las más adaptadas y viables. Esta población de mutantes se denomina cuasiespecie.

al modelo clásico de selección darwiniana. El estudio de poblaciones de virus $Q\beta$ hizo evidente la existencia de variabilidad en las secuencias de los descendientes. Este conjunto de variantes obtenidas por selección se denominó cuasiespecie y corresponde a un conjunto de variantes definidas con respecto a una secuencia maestra o patrón. En otras palabras, la propia secuencia maestra puede estar muy escasamente representada en la población, pero lo que caracteriza a la cuasiespecie es el hecho de que las variantes ocurren dentro de un rango de tasas de error de replicación no mayor al 0,05 %. es decir, la selección no produce individuos únicos, sino que genera poblaciones dentro de márgenes de error. Cuando las tasas de error superan este umbral se genera una catástrofe, perdiéndose la posibilidad de definir la cuasiespecie, puesto que cualquier secuencia incrementa su probabilidad de aparición. Es una situación caótica de máximo azar, en la que incluso secuencias alejadas de la original pueden aparecer con igual probabilidad que cualquier otra. La información potencial es máxima, pero la existencia real de las cuasiespecies está impedida. Por el contrario, para tasas inferiores de error se observa la predominancia de una secuencia con respecto a otras y, según sea el grado de fidelidad en la replicación, podemos observar poblaciones con menores o mayores grados de variabilidad. Una muy alta fidelidad conduciría a la generación de muy pocas variantes, limitando por esta vía la capacidad evolutiva. Este caso reitera la afirmación anterior de que los sistemas biológicamente viables se ubican entre el orden y el caos [92] (véanse figuras 3.20 y 3.21).

3.20.1. Profundidad lógica

Bennet [193] propuso una aproximación a la complejidad que apunta más allá de la dicotomía entre orden y desorden. Si retomamos el ejemplo de las series (1) 01010101010101010101 y (2) 0110110011011110001000, una muy ordenada y otra aleatoria, usando el criterio de Chaitin, obtenemos que la secuencia ordenada se puede ejecutar por un algoritmo más corto que la secuencia misma, mientras que el algoritmo requerido para describir la secuencia desordenada debe al menos ser tan largo como la secuencia misma. Sin embargo, en ambos casos, tanto la secuencia ordenada como la aleatoria tienen en común el hecho de ser deducibles a partir de un algoritmo que, independientemente de su longitud, no requiere demasiado tiempo de computación. Para la secuencia ordenada el algoritmo debe repetirse muchas veces, mientras que para la aleatoria simplemente debe ser copiado.

Por el contrario, una secuencia compleja es diferente en el sentido de que su descripción o computación a partir del algoritmo más corto requie-

re un tiempo de computación prolongado. Bennet mide la complejidad o “profundidad lógica” de acuerdo con el tiempo de computación requerido para su descripción. Un objeto complejo dinámico sería aquel cuyo origen más plausible, vía un proceso efectivo, requiere una computación intensiva y prolongada. La complejidad alcanza su clímax en un punto medio, equidistante entre el orden y el desorden, que es donde se ejecuta la máxima computación. En esta situación, lo importante es el proceso requerido para generar la complejidad y no las características formales de la complejidad.

Esta propuesta es aplicable a los seres vivientes, que difieren de los sistemas altamente desordenados (gas en equilibrio) en cuanto pueden construirse con gran precisión a partir de algoritmos cortos, y difieren de los sistemas altamente ordenados (cristal) en cuanto a que la construcción a partir de su algoritmo (DNA) demanda un enorme trabajo de desciframiento de instrucciones, y no se limita a la repetición de ciertas operaciones básicas. Bennet pretende ir más allá al plantear que su medida de “profundidad lógica” puede dar cuenta del valor de la información.

“El valor de un mensaje no reside en su información, ni en su redundancia obvia, sino más bien en lo que podría llamarse su redundancia oculta, es decir aquellas partes predecibles con dificultad, o cosas que el receptor pudo en principio haber imaginado pero solamente a un costo considerable de tiempo, computación y dinero. En otras palabras, el valor de un mensaje es la cantidad de trabajo matemático u de otro tipo hecho por quien lo origina, y que el receptor se ahorra hacer” [193].

Para Bennett, el valor de la información está asociado a la noción física de trabajo, una clara noción aplicable a la teoría del valor en economía. Se trata del trabajo acumulado a lo largo de la evolución que llevó a la obtención de una información determinada. Igualmente, el valor de la información se aprecia cuando se estima la cantidad de trabajo que permite ahorrar en una circunstancia determinada. La aplicación a la biología es inevitable. La estructura física y química del organismo debe mantener una concordancia con su hábitat (fuerza gravitacional, temperatura, composición atmosférica, presión . . .) y la información capacita al organismo para enfrentar los desafíos del entorno. La acumulación de información ha tenido que pagar un precio muy alto; muchos organismos han perecido en el proceso de selección que dio lugar a cada genoma en particular. El organismo se ahorra los ensayos y errores que sus ancestros han realizado. La medida de complejidad de Bennett se basa en la relación del sistema con las circunstancias externas, que combina las medidas cuantitativas de longitud del mensaje y el tiempo requerido para computarlo.

Un estudio comparativo de los organismos que incluya: a) Longitud del DNA, regiones codantes y no codantes, b) Duración de las distintas etapas de la embriogénesis, y c) Clasificación filogenética usando distinto tipo de marcadores y grupos externos, enmarcado dentro de la teoría termodinámica propuesta en este libro puede conducir a la definición de parámetros de complejidad.

3.21. La selección como potencia activa

Se puede inferir que las representaciones incorporadas por los organismos son necesariamente parciales, finitas, incompletas y provisionales. La inteligencia natural de los sistemas vivientes no quiere decir que las descripciones sean completas, ni que ella les confiera una memoria infinita e infalibilidad. Disminuir la incertidumbre sobre el entorno a cero es una tarea imposible por el gasto tan grande de energía que requiere, por demás completamente innecesaria, ya que para ser viable (vivir) no se requieren certezas absolutas. El carácter necesariamente incompleto de las descripciones surge además de las propiedades de cualquier estructura que, por compleja que sea, no puede sino presentar patrones finitos y limitados de reconocimiento. Igualmente, depende de la capacidad clasificadora de las entidades interactuantes que presentan un número limitado de sistemas axiomáticos o decodificadores. Por tanto, cada par interactuante lleva incorporado un mosaico fraccionado e incompleto, aunque redundante, de imágenes afines o de módulos de reconocimiento. No puede existir ningún sistema procesador de información que tenga una representación actualizada del mundo externo.

Por esta vía se llega a que la vida evolucionó por intensificación de su actividad selectiva (capacidad de establecer nuevos acoples), dentro de un esquema de aprovechamiento del flujo energético. La vida ha sido seleccionada por su capacidad para seleccionar y emergió por acción de agentes selectores prebióticos que mostraban una intensa actividad autocatalítica. Gracias a la dinámica propia a nivel local de los sistemas naturales, se puede hablar de selección y no viceversa. Se recupera así la connotación activa propia del concepto, evitando la aplicación del concepto de “selección” como recurso metafísico, o como un concepto estrictamente biológico, libre de consideraciones físicas. La selección neodarwiniana ejercida desde afuera es consecuencia de la interacción entre los organismos que forman parte del entorno y el organismo, visto como objeto de selección, en otras palabras, es el caso límite de las selecciones inmediatas y focalizadas ejercidas desde adentro.

Del carácter finito de estos demonios o agentes selectores se sigue que operan necesariamente con un margen de error. Su falibilidad se pone en evidencia en dos instancias:

1. Cuando se llega al umbral de discriminación hay incapacidad de distinguir las variaciones neutras o aquellas que van más allá de su nivel de resolución, o del escrutinio riguroso de la selección.
2. Cuando se da la selección, como en cualquier otro proceso de medición, hay una reducción de la incertidumbre dentro de una zona circunscrita y delimitada que se paga con un aumento de la incertidumbre y ambigüedad más allá de la zona donde actúa la restricción local.

Aunque Darwin no se detuvo a analizar estas dos situaciones, debemos reconocer que tenía sobrada razón cuando afirmaba que esta actividad de escrutinio (chequeo) es permanente y constante. Ésta es la única manera cómo se hace efectivo el establecimiento de compromisos, entre el grado de incertidumbre que se elimina en la interacción-medición, y el tamaño del registro o intensidad del ajuste o reacomodamiento estructural.

En esta línea de pensamiento, una estructura sería un arreglo o configuración transitoria en una historia filogenética muy compleja. Ninguna estructura en particular sería decisiva, sino la dinámica del proceso a largo plazo. En esta escala lo que se va seleccionando son estrategias evolutivas. Existe por consiguiente, selección a favor de plasticidad, versatilidad, adaptabilidad, o sea, a favor de la capacidad de generar variaciones que se traduzcan en potencial evolutivo. La insistencia en las dinámicas a nivel de lo micro, interno, circunscrito e inmediato se constituye en un esfuerzo para tratar de descubrir la naturaleza de la capacidad generativa y de la indefinición constitutiva. Puesto que así como la variación es anterior a la selección en el discurso clásico, en esta propuesta la selección también puede ser vista como causante de variación.

3.22. El estatuto epistemológico de la *forma* y la *causa formal*

Vida y *forma* son dos términos tan íntimamente asociados que difícilmente se pueden imaginar uno sin el otro. Las ciencias biológicas han girado durante mucho tiempo en torno a un paradigma morfológico de tipo externalista, a partir del cual se fueron desplazando hacia un paradigma informático de tipo internalista. El estudio de la información codificada digitalmente en el DNA

abrió vías que inevitablemente nos remiten a la perspectiva morfológica. No obstante, ya no estamos confinados únicamente al estudio de la forma de los organismos, sino a los patrones de organización que dan forma a cada uno de los niveles de la organización jerárquica. Igualmente, la actividad (catalítica) que explica la grabación de información en el DNA radica en la *forma* (estructura terciaria). Propongo que el presente cambio de perspectiva hacia un mayor énfasis en la *forma* da apoyo al internalismo.

Para Platon las *formas* son *a priori*, puesto que son inmutables y eternas. Las *formas* son ideas que explican el mundo, dado que permanecen sin cambio en contraposición al mundo sensible sometido a variación y cambio persistente. Estas ideas o entidades inteligibles *eidos* representan estados objetivos, reales y universales, que no conciernen directamente a las entidades individuales, concretas y sensibles. En otras palabras las *formas* confieren un tipo de inteligibilidad que excluye la experiencia individual e inmediata del mundo sensible. Pero si la *forma* tuviera prioridad epistemológica y existencia real separada de la materia, quedaría sin resolver el problema de cómo obtener consistencia lógica teniendo en cuenta la experiencia sensible y concreta de los individuos.

De manera similar, el *logos* de Aristóteles es equivalente a *forma* e inteligibilidad, por esta razón hablamos de razonamiento formal o formalismo matemático. *Materia* y *forma* constituyen dos principios metafísicos inseparables entre sí en lo que se denomina *substancia* [194]. Para Aristóteles, la *materia* no puede reducirse a átomos amorfos sobre los cuales actúan fuerzas externas, sino que es un principio de actividad e inteligibilidad que se expresa mejor en la noción de *substancia*; en este caso la *forma* tendría la prioridad en tanto cuanto sus propiedades son intrínsecas a la materia. De este modo la prioridad de la *forma* o de la causa formal sobre las otras causas tiene que ver con el hecho de que ésta actúa desde adentro, y así se convierte en el principio o causa del movimiento (Aristotle. Phys.III,1 [195]). Aristóteles afirma que las tres causas formal, eficiente y final (forma, fuente de cambio, y fin) coinciden frecuentemente. Según la interpretación corriente la causa eficiente es una *forma* que actúa *a tergo*, y la causa final una forma que actúa *a fronte*. En la mayoría de los casos *forma*, fuente de cambio y fin coinciden porque cuando una *forma* es al mismo tiempo fuente de cambio, es una fuente de cambio en cuanto un fin. Hoy en día, podríamos reconsiderar el pensamiento aristotélico afirmando que la inteligibilidad de un proceso debe buscarse en la dinámica interna generada por las *formas*.

En este sentido Aristóteles es un pionero que anticipó la existencia de la circularidad semiótica o circuito autorreferente en que necesariamente caen las explicaciones biológicas. En algunos casos él no distingue entre

causa material y eficiente, en otros las causas formal y final se consideran equivalentes. Sin embargo, sus explicaciones entorno a las cuatro causas resultan apropiadas para los seres vivos, puesto que requieren del empleo simultaneo de una necesidad incondicional (causa material y eficiente) y una condicional (forma y fin). En otras palabras, la presentación de las cuatro causas establece implícitamente la complementariedad de las causas final y eficiente en los procesos materiales, mientras que coloca a la *forma* y la causa formal como mediadora entre ellas.

Aristóteles aceptaba que un órgano podía suplantar o ejecutar las funciones de un órgano afectado con la intención de preservar el desempeño del organismo, sin embargo su deuda con Platon le impidió aceptar las hipótesis sobre la producción de nuevas *formas* en la naturaleza. Por esta razón para Aristóteles el proceso embrionario esta circunscrito a la producción permanente de *formas* fijas. No obstante, su argumento sobre el concepto de *Forma*, como patrón de actividad asociado a un sistema material, le permitieron supeditar la hipótesis del azar (que no puede ser demostrada) a la hipótesis finalista ó teleológica (que no puede ser refutada), tal como Kant formuló en la *Critica del Juicio Teleológico*.

De acuerdo a Kant una aproximación internalista valida el juicio teleológico. Aceptar la causa final implica aceptar igualmente que la naturaleza actúa como si ella fuera un ser inteligente [196]. Si la causa final no puede ser refutada, en la misma medida la hipótesis sobre la cognición propia de los sistemas naturales tampoco puede dejarse de lado. Una relación de reciprocidad se instaura entre la causa final y el azar. Según Kant [196] en el conocimiento existe una vía azarosa de la parte al todo, y otra necesaria del todo a la parte, para concluir que el juicio teleológico es necesario para explicar el azar.

A la pregunta sobre como emergen y se conservan las *formas* a lo largo de un linaje de descendencia, Buffon respondió de un modo interesante amparado en la filosofía newtoniana [63, 64]. Las *Formas* (arreglos tridimensionales de partes constitutivas) tienen que ver con el contorno externo característico de los organismos y se producen en un *molde interior* entendido como el “plegamiento de una superficie masiva”. Todavía en los años 1930, la bioquímica utilizaba expresiones como la de moléculas que moldean a otras como si portaran un tipo de información instructiva [66].

El verdadero avance conceptual representado por la biología molecular en 1950, fue la afirmación de que la *forma* de los organismos podía reducirse a la descripción codificada digitalmente en una dimensión. De ahí en adelante el DNA se convirtió en el portador de la *forma* o en la molécula informativa por excelencia. Sin embargo, nunca se hizo claridad sobre cómo

las formas tridimensionales se codificaban en registros unidimensionales. No obstante, la ventaja de la codificación digital radica en que puede explicar una replicación fácil, rápida, eficiente y fiel, fenómeno que queda sin explicar en la hipótesis de los moldes tridimensionales. Tal como discutí en el capítulo segundo el éxito de la visión de la vida entorno al DNA es una consecuencia de una tendencia más amplia en la ciencia que tiende a destacar la información codificada de un modo digital.

Para D'Árcy Thompson [197] la forma de cualquier porción de materia, viviente o inerte, y los cambios sensibles de forma debidos al movimiento o al crecimiento pueden describirse en términos de la acción de fuerzas. La *forma* de un objeto es la resultante de un diagrama de fuerzas compuesto, y en consecuencia a partir del estudio de la forma se pueden inferir las fuerzas que han actuado sobre el organismo en cuestión. Aunque el término *fuerza* es tan subjetivo y simbólico como el de *forma*, las fuerzas son las causas eficientes que dan lugar a las formas y a los cambios de forma, de este modo se puede intentar reducir y explicar las *formas* en términos de *fuerzas*. Sin embargo, el modelo de Thompson que elimina las causas formales intrínsecas al quedarse únicamente con causas extrínsecas y eficientes, da como resultado la afirmación de la autonomía de la *forma*. No obstante, el aspecto que todavía no se ha tenido en cuenta es el hecho de que las *fuerzas* no son interacciones mecánicas que operan sin fricción, sino que se orientan de acuerdo a la dirección impuesta por el flujo de energía física como consecuencia de un proceso de interacción, sensación, reconocimiento, medición, codificación e interpretación de significados.

Este último punto de vista se insinúa en la filosofía del organismo de Whitehead para quien los organismos o entidades vivientes constituyen unidades individuales de experiencia, que pueden ser examinados desde perspectivas diferentes (microscópica y macroscópica). La microscópica (más afín a la visión internalista) está relacionada con el proceso de formación y realización de una ocasión concreta y real, o de una unidad individual de experiencia, mientras que la macroscópica (más afín a la visión externalista) está referida con lo que está dado en el mundo real, ambos fenómenos restringen y posibilitan la ocurrencia de ocasiones o eventos reales. El paso de la *potencia* al *acto* involucra o implica una decisión. La constitución interna real de una entidad representa una decisión que progresivamente va condicionando la creatividad que trasciende esta realidad. Por el contrario, cuando no hay una decisión no hay realidad, en otras palabras las *formas* platónicas carecen de realidad, pero en las entidades reales sí se dan las *formas*. La determinación y definición de cada realidad implica una selección de estas *formas*. Por lo tanto, la *forma* involucra necesariamente una determinación real [149].

De este modo, la constitución formal de una entidad real sería un proceso análogo al de medición o a una transición de la indeterminación (potencialidad) a la determinación terminal (actualidad, realidad). En consecuencia, se hace imperativo que las teorías biológicas incorporen la termodinámica o el estudio de los flujos de energía y su transformación en formas diversas. Estos procesos se convierten en la base para entender la transmisión física de sentimientos y señales entre las entidades vivientes.

Por otra parte, según Schrödinger [7] la *forma* (estructura, organización) y no la *substancia* (materia) es el concepto fundamental, porque aquella determina la identidad. Igualmente, para Rene Thom la *forma* es un arquetipo que posee un estatuto epistemológico superior al de *fuerza*. Si por el contrario las *formas* son emergentes con respecto a los componentes, entonces paradójicamente, los componentes últimos o fundamentales deben poseer *forma* puesto que de otra manera no habrían sido capaces de soportar interacciones entre ellos.

Con el advenimiento de los estudios de sistemas abiertos lejos del equilibrio, el aspecto procesual de la *forma* se hizo más evidente y surgió la pregunta sobre la accesibilidad de nuevas *formas*. Prigogine acuñó el término *Estructuras Disipativas* con el fin de proponer una teoría termodinámica de la *forma* indisolublemente asociada a una perspectiva evolutiva. La *forma* como proceso se convirtió en la única alternativa física al concepto de Leibniz de “armonía pre-establecida entre monadas cerradas sin ventanas”, puesto que la comunicación implica apertura y cualquier grado de armonía que se haya alcanzado debió de pagarse en términos de transacciones energéticas. Igualmente, la *forma* se erige como una alternativa al atomismo clásico que se presenta hoy en día bajo el disfraz del reduccionismo genético.

Debido a la enorme influencia de la concepción mecánica de la naturaleza a lo largo de los siglos XIX y XX, el concepto de *forma* fue poco a poco reemplazado por el de estructura. La estructura depende de un arreglo particular de unidades componentes cuya naturaleza física puede ser determinada. Así, se define una estructura para cada clase de arreglo material. Este enfoque indujo a pensar que para cada actividad funcional ejercida por los organismos se requiere un tipo preciso de estructura. Aunque parcialmente cierto, este enfoque no deja espacio para la degeneración (diferentes estructuras que ejercen una misma función), ni para la *pleiotropía* ó el fenómeno según el cual una misma estructura puede ejecutar funciones diferentes de acuerdo al contexto ó condiciones de entorno. Por ejemplo, la teoría neutralista de Kimura que propone la existencia de una amplia variedad de variantes igualmente funcionales a nivel molecular no puede acomodarse dentro del esquema clásico mecanicista.

Además, el mecanicismo no da cuenta del fenómeno de la invasión o suplantación funcional, fenómeno que se da cuando una estructura asume las funciones de otra con la cual hay cierto grado de similitud. La suplantación funcional no cabe dentro de un esquema teórico que concibe las funciones como esencialmente discretas y por tanto imposibles de ser ejecutadas por órganos que fueron seleccionados para la ejecución de tareas diferentes. Si este fenómeno no pudiera darse, sería todavía más difícil explicar la aparición de nuevas funciones desde una óptica estructuralista. Por el contrario la noción de *forma* ofrece una explicación a los fenómenos de degeneración estructural, multifuncionalidad (*pleiotropia*), suplantación funcional y origen de nuevas funciones.

El concepto de *forma* subraya la apertura y carácter contextual de la organización de los seres vivos que no están determinados rígidamente por su composición material. La *forma* es también responsable de las sorpresas que depara la naturaleza ya que es la sede del carácter de impredecibilidad de las relaciones que pueden establecerse.

Hoy en día notamos un marcado sesgo a favor de una visión de la vida que gira entorno al DNA y los genes, lo cual equivale a reducir la noción de *forma* a una de sus manifestaciones, la dada como un registro digital de información. Pues, ¿cómo podría explicarse la información registrada digitalmente sin tener como referente la red de interacciones característica de la *forma*?, ¿qué sentido tiene hablar de información digital sin hacer referencia a las unidades de experiencia asociadas a la autoorganización (demonios de Maxwell u organismos)?

Cada vez cobra más vigencia desarrollar esta noción puesto que constituye una de las alternativas a la doctrina de los genes egoístas (*selfish-gen*) autorreplicantes, de acuerdo a la cual, la vida no es sino copiado de DNA, seguida del forcejeo o intención de esta información a propagarse por ella misma. Por supuesto que la vida requiere del copiado de genes, pero la visión del gen egoísta olvida todos los demás componentes informativos y las transacciones energéticas que dan soporte a la etapa de replicación y copiado de genes.

Para el establecimiento de interacciones se requieren dos condiciones: 1. Apertura y 2. Afinidad o preferencia no aleatoria de una entidad por otra seleccionada entre muchas. Para poder tejer una densa red de interacciones en el mundo físico, algunas *formas* básicas inherentes a las partículas elementales debieron preexistir para hacer posible reconocimientos posteriores y aumentos en complejidad. Podemos por tanto afirmar que la *forma* está indisolublemente ligada al proceso que da lugar al establecimiento, transferencia y conservación de un conjunto específico de interacciones no

aleatorias, y a la emergencia de funciones que se materializan en un arreglo espacio temporal específico de partes, independientemente de su naturaleza, necesario para el mantenimiento de un desempeño coherente. De acuerdo a Bateson [198], la *forma* expresa un orden relacional entre componentes e importa más que la misma composición material. Concluyendo, *forma* e información no corresponden a propiedades *a priori*, puesto que surgen como consecuencia de la selección, pero paradójicamente para poder iniciar el proceso de selección algunas *formas* debieron existir *a priori*. De nuevo la inevitable circularidad autorreferente.

La *forma* debe entenderse como un principio de actividad que organiza el mundo a partir de interacciones dinámicas. Este concepto está en abierta oposición a la visión newtoniana según la cual entidades geométricas pasivas están ubicadas en un espacio absoluto. Por el contrario, el concepto de formas orgánicas abre la vía a un razonamiento jerárquico, dado que la interacción entre un conjunto de *formas* da como resultado *formas* de un orden superior.

3.23. De la epistemología a la ontología

Propongo que la *forma* tiene una prioridad cuya naturaleza explica la aparición de registros codificados digitalmente. *Forma*, es uno de los conceptos en los que las tres categorías de Peirce no pueden diferenciarse fácilmente. La *forma* como hecho tozudo, posee el aspecto cualitativo de la *Primeridad*, el aspecto funcional, determinista y de relación propio de la *Segundidad*, y como fuente de actividad organizadora e inteligibilidad es también una expresión de la *Terceridad*.

Las tres categorías universales definidas por Peirce corresponden al mismo tiempo a “maneras de ser”, formas de relación y elementos de la experiencia (faneroscopia). Peirce definió el *Faneron* como el conjunto total de todo lo que está, de cualquier modo o sentido, presente en la mente, independientemente de si corresponde a una cosa real o no [199, 200].

Intentaré mostrar como a pesar de que estas tres categorías (cualidad, relación y representación) están estrechamente entrelazadas y se sobreponen constantemente, son útiles para entender las relaciones entre los espacios de información digital y analógica. Así llegamos al punto en que afirmo que el concepto de *forma* —en cuanto se asocia a la *Terceridad* de Peirce— genera un terreno donde se resuelve la polaridad entre información analógica y digital, continuidad y discontinuidad, fenotipo y genotipo, macro y micro dinámicas. La mediación es un proceso semiótico bidireccional.

Con el fin de mostrar que la discusión sobre la noción de *forma* no se

restringe al dominio de lo epistemológico y puramente conceptual, sino que proporciona una visión ontológica estrechamente ligada a lo que la ciencia denomina mundo real de experiencia, quiero enfatizar a manera de resumen los siguientes puntos:

1. La *forma* tiene una naturaleza triádica en términos de Peirce, y constituye de por sí una unidad básica sistémica donde las categorías de potencialidad, patrón y actividad se asocian indisolublemente.
2. La *forma* puede actualizarse en una pluralidad de estructuras. Estructura corresponde a una de las realizaciones materiales de la *forma*.
3. Aunque las *formas* siempre aparecen asociadas a la materia, ellas son independientes de un arreglo particular de constituyentes materiales.
4. La *forma* implica funcionalidad o una relación contextual, mientras que la estructura puede estudiarse fuera de su contexto.
5. La *forma* es una condición necesaria y anterior a las interacciones, y tiene que ver con la manera como los organismos experimentan su mundo externo.
6. La *forma* es una cualidad responsable de la actividad semiótica de un sistema observador visto como un todo y a la vez de sus partes ó dispositivos de medición. Tanto el todo como la partes son *formas*.
7. Las *formas* no son fijas, ni estáticas. En tanto que registros analógicos las formas pueden modificarse reversiblemente en presencia de un estímulo externo, mientras que como registros digitales pueden modificarse irreversiblemente por mutación. Como resultado tenemos la evolución y modificación de las *formas* que conduce a la aparición de nuevas *formas* a partir de las existentes.
8. Las *formas* no equivalen a los patrones idealizados más allá del mundo de la experiencia física, sino que por el contrario dependen de los paisajes de energía que definen su estabilidad térmica y los estados termodinámicamente accesibles. Las *formas* serían matrices de arreglos probabilísticos dependientes de la temperatura de acuerdo a los paisajes energéticos que pueden ser modulados por la interacción con otras *formas*.
9. Las *formas* son energía codificada [201], puesto que dependen de la disponibilidad de la energía y los umbrales de estabilidad térmica.

10. La *forma* denota que las estructuras son dinámicas, procesuales, transitorias y responsables de las interacciones a nivel local.

Resumiendo, la *forma* está íntimamente asociada al proceso que conduce al establecimiento, transferencia y conservación de un conjunto específico de interacciones no aleatorias. Esta aproximación rompe con el idealismo clásico para hacerse más afín a la perspectiva internalista de la ciencia.

3.24. El Mapa de las relaciones entre los Espacios de Información Digital y Analógica

El patrón de codificación que sugiere la biología molecular es simultáneamente de tipo Holográfico¹¹ y Degenerado¹² [185]. A continuación quiero mostrar como este tipo de relaciones sirven para ilustrar como se entrelazan entre sí las tres categorías de Peirce. El universo de posibilidades puede ser imaginado cuando tenemos un espacio matemático en el cual las mutaciones posibles pueden localizarse y aunque este universo no tiene existencia física como tal, ayuda a rastrear la trayectoria de las variaciones a medida que avanza la exploración de este espacio. El universo de lo posible (*Primeridad*) corresponde al volumen máximo alcanzable en estos espacios. El llenado real de estos espacios representa el mundo existente de patrones organizados (*Segundidad*). La diferencia entre lo posible y lo real (lo que queda para ser llenado) refleja la condición característica de la evolución lejos del equilibrio termodinámico.

La convergencia de formas esta íntimamente ligada a un incremento permanente de la diferencia, en el espacio de secuencias, entre la degeneración total máxima posible o entropía máxima alcanzable H_{max} y la degeneración real o entropía observada H_{obs} (degeneración real observada). Igualmente, las formas funcionales están atrapadas en una subregión parcial de la correspondiente red neutra y cíclicamente tienden a atravesar la misma subregión debido a las restricciones (internas y externas), de manera que una gran parte del espacio de secuencias permanece inexplorado y es de hecho inalcanzable. Además, las relaciones entre estos dos espacios informacionales esta dada por la actividad semiótica de agentes tipo demonio de Maxwell, puesto que no se trata de una relación prefijada o mecánica sino que se va

¹¹Holográfico se refiere al mapa “uno-muchos” que sugiere la idea de que estructuras diferentes pueden obtenerse a partir de la pequeñas modificaciones de una secuencia original cualquiera.

¹²Degeneración se refiere al mapa “muchos-uno”, una misma estructura que puede obtenerse a partir de numerosas secuencias que corresponden a sus variantes neutras.

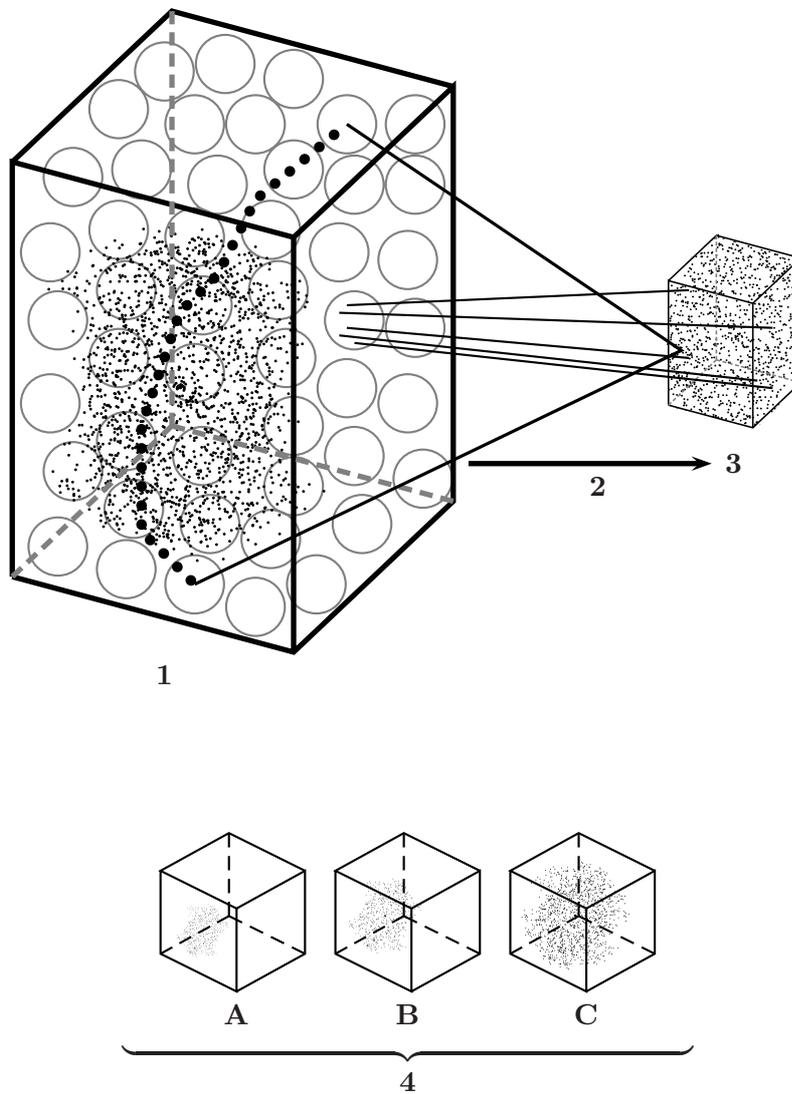


FIGURA 3.22. Relación entre espacios de información digital (secuencias de símbolos) y espacios de información analógica (formas)

estableciendo y disolviendo permanentemente. Es decir que se trata de la conversión permanente entre información analógica en digital y viceversa.

Con el fin de mostrar el solapamiento de las categorías de Peirce, en la

figura 3.22 se presenta una descomposición de cada componente de la triada. El significado de los diferentes pasos allí mostrados es el siguiente:

1. Espacio de Secuencias o Espacio de Información Digital (EID). Universo de todas las descripciones genéticas codificadas genéticamente que pueden inferirse por permutación de símbolos básicos. La nube de puntos representa las descripciones genéticas existentes en realidad. El trayecto muestra un camino neutro o el conjunto de secuencias que satisface una forma. También se muestra como de una subregión o esfera que incluye el conjunto de todos los mutantes vecinos alcanzables a partir de una secuencia cualquiera se pueden obtener todas las formas posibles en el Espacio de Información Analógica (EIA). EID esta lejos de saturación y el equilibrio dentro de este volumen es físicamente inalcanzable.
2. No puede existir una correspondencia biyectiva o “uno a uno” entre los elementos del EID y los elementos de EIA. No se muestra el tercer componente, el Espacio de Acciones Asociadas a un Trabajo Físico (EAATF) ejecutado por agentes semióticos, que da cuenta del mapeo entre EID y EIA.
3. Espacio de Formas o Espacio de Información Análoga (EIA). Universo de todas las conformaciones estables posibles que pueden darse. Los componentes de EIA son responsables de los acoplamientos con referentes externos proporcionando de esta manera sentido, funcionalidad y semántica.
4. Expansión entrópica en EIA muestra una tendencia hacia la saturación.

3.25. Espacio de Información Digital (EID)

Primeridad:

1. El EID representa el mundo de todos los textos posibles codificados en forma digital (series de símbolos) generados por permutaciones de unos símbolos básicos, tal como Borges ilustra magistralmente en *La Biblioteca de Babel*.
2. El EID refleja la potencialidad máxima en la cual los registros digitales posibles están localizados sin que medie ninguna relación entre ellos, o entre ellos y otros referentes.

3. El EID constituye un modelo heurístico para visualizar lo posible. En este caso los textos encontrados son puramente virtuales y no pueden inferirse a partir de cualquier otra fuente informacional.
4. La exploración dentro de este espacio ocurre por expansión o difusión azarosa por cuanto es completamente indeterminado.
5. Este espacio está prácticamente vacío debido a que expresa la máxima potencialidad.

Segundidad:

1. A pesar de la dimensión astronómica del EID, esta categoría corresponde a una región diminuta que realmente está ocupada.
2. Esta subregión representa los registros de información digital que realmente se dan en la naturaleza: A. Series de símbolos reconocidas como portadores de información (por ejemplo la información genética registrada en el DNA). B. Series de símbolos existentes cuyo contenido semántico no ha sido todavía, o nunca podrá ser develado.

Terceridad:

1. Los puntos o sitios ocupados aparecen como resultado de la agencia semiótica, dado que la selección interna debe haber actuado para retener algunos pocos dentro de un conjunto de posibilidades pre-existentes.
2. Este espacio alberga tanto las series de símbolos con contenido semántico como las que carecen de él. El contenido semántico que puede atribuirse a algunas secuencias se debe a la *Terceridad*; del mismo modo la *Terceridad* también es responsable de la existencia de secuencias de símbolos comprimibles¹³ y las incompresibles¹⁴.
3. Este espacio ofrece una imagen del espacio disponible para la exploración de nuevas series a medida que la expansión continúa.
4. Esta exploración aleatoria obedece el principio de disipación de entropía dado por la segunda ley que actúa como causa final.

¹³Se trata de aquellos textos que no podían comprimirse originalmente por su carácter aparentemente aleatorio, pero que con el aumento de la complejidad de los sistemas formales pueden comprimirse.

¹⁴Se trata de aquellos textos cuya aleatoriedad hace que eventualmente nunca puedan comprimirse.

3.26. Espacio de Información Analógica (EIA)

Primeridad:

1. El EIA suministra una imagen de todos los registros analógicos que potencialmente pueden plantear relaciones con referentes externos.
2. Este espacio representa el sustrato del sentimiento y la sensación en tanto cualidades primarias atribuibles a las formas.
3. El aspecto cualitativo que Peirce asocia a la *Primeridad* se explica en gran medida como la potencialidad inherente a la información analógica.

Segundidad:

1. El aspecto determinista de la información analógica se manifiesta a través de estructuras que participan directamente de las interacciones, comunicando, así, la experiencia de lo real.
2. Esta categoría ayuda a comprender las *formas* que realmente se dan como realizaciones de lo posible representadas por los puntos ocupados que confieren contenido semántico y significado. Por ejemplo, las proteínas plegadas y los fenotipos los cuales dependen respectivamente de las secuencias lineales y de los genotipos.
3. La categoría de la *Segundidad* aplicada al EIA describe la pasividad e inercia asociada a estructuras estables.
4. Uno podría discriminar entre una: *Segundidad interna* (la que está codificada en los registros degenerados en las redes neutras del EID) y una *Segundidad externa* (la que se refiere a hechos externos y a las acciones concretas que se representan en el espacio de acciones asociadas a un trabajo físico).

Terceridad:

1. Esta categoría está asociada a la actividad y dinámica inherente a las estructuras, y se requiere para explicar el movimiento adaptativo en el EIA en cumplimiento del proceso de autoorganización.
2. La información analógica actúa como causa eficiente de las interacciones y como causa final de los nuevos textos digitales que van apareciendo. Las estructuras ó registros analógicos constituyen los dispositivos de interacción ó los estándares de medida de los agentes semióticos.

3.27. Espacio de las Acciones Asociadas a Trabajo Físico Ejecutadas por Agentes Semióticos (EAATF)

Primeridad:

1. Las acciones asociadas a un trabajo físico (AATF) ejecutadas por los agentes tipo demonio de Maxwell constituyen una fuente permanente de aleatoriedad y disipación de entropía que paga el costo de la creación de registros [185].
2. Los incrementos en aleatoriedad inducen la expansión dentro de los EIA y EID, a la vez que dan cuenta de los efectos colaterales que dan lugar a la relativa falta de correspondencia entre ellos.

Segundidad:

1. El trabajo ejecutado también explica la aparición de registros codificados que conducen a una determinación estructural.
2. En esta categoría están cobijadas todas las acciones que promueven la estabilización y congruencias entre los registros digital y analógicos.
3. Las correspondencias observables entre los EID y los EIA obedecen al hecho de que algunos registros analógicos se han hecho más dependientes y predecibles a partir de su contraparte digital debido al incremento del contenido de información mutua $K_{(digital:analogo)}$.

Terceridad:

1. Esta categoría permite definir el EAATF como un espacio de funciones, puesto que la funcionalidad se refiere a actividades particulares que están referidas a la red de interacciones en su conjunto.
2. Estas acciones particulares ejercidas a un nivel local hacen posible el paso de la *Primeridad* a la *Segundidad*, por que existe una mediación dada por una actividad cognitiva.
3. Esta actividad cognitiva de tipo local, parcial y necesariamente incompleta derrumba cualquier pretensión de atribuir un carácter absoluto a la *Terceridad*.
4. Los agentes semióticos encarnan la tendencia a tomar hábitos al fusionar lo posible en el EID con lo real en EIA.

Citando a Peirce,

“La naturaleza misma proporciona con frecuencia el lugar de la intención de un agente racional haciendo una *Terceridad* genuina y no puramente accidental” “Cómo hace esto la naturaleza? Por virtud de una ley inteligible de acuerdo con la cual actúa” . . . “Es una tendencia generalizante, hace que las acciones en el futuro sigan algunas generalizaciones de acciones pasadas; y esta tendencia por sí misma es capaz de generalizaciones similares, y así ella misma es generativa” [159].

Hay dos tipos de trabajos físicos asociados a la actividad de los organismos: 1. Metabólico (captura, síntesis, degradación, transferencia . . .). 2. Reproductivo (copia, reparación, transcripción, traducción, . . .). De acuerdo a Wächterhäuser [202] la operaciones metabólicas son anteriores a las reproductivas.

La naturaleza cognitiva de la mediación existente entre EID y EIA refuta las afirmaciones sobre las correlaciones deterministas y mecánicas “uno-uno” que fueron sugeridas originalmente con la formulación del Dogma Central de la biología molecular.

El tipo de correspondencias establecidas entre EID e EIA mediadas por EAATF constituye una ruptura radical con la visión planteada en el Dogma Central de la Biología Molecular puesto que incluye todas las relaciones posibles ligadas a los procesos de creación, codificación, modificación, copiado, transcripción, traducción, interpretación, utilización, degradación y borrado de la información desde la perspectiva de un agente referente para el cual la información debe significar algo. Este mapa de relaciones muestra también como estas relaciones poseen ciertos grados de flexibilidad y se dan dentro de un proceso de expansión cíclica e irreversible. En el capítulo segundo se ilustran varios ejemplos que permiten ver como estas relaciones se cumplen en el nivel molecular; ahora propongo que constituyen un modelo general de como procede la organización en la naturaleza.

Dado que existe una continuidad de la representación de las *formas* en sus textos digitales, el ruido o azar juega un papel destacado en este tipo de mapa de relaciones puesto que afecta el proceso de conversión de la información digital en analógica (traducción, plegamiento). Las mismas series de símbolos en contextos diferentes (por ejemplo moléculas iguales en tejidos diferentes) dan lugar a estructuras diferentes con función diferente. Las fricciones y restricciones actúan constantemente de una manera impredecible considerando que se trata de procesos circulares de retroalimentación y no únicamente de información contenida en una secuencia lineal. La actividad semiótica de los sistemas naturales contribuye a la determinación estructural sin perder la flexibilidad.

El Dogma Central tiene la extraña virtud de ocultar estas relaciones complejas, puesto que fue concebido para denotar un mapa relacional “uno-uno” de una manera biyectiva, lineal y unidireccional. Sugiero en conclusión que todas los textos posibles en forma digital son fuentes potenciales de significación, aunque la gran mayoría carecen de sentido puesto que su contraparte analógica no se ha seleccionado. Secuencias lineales de nucleótidos (RNA) o de amino ácidos (proteínas) que no se pliegan en estructuras estables no son seleccionables.

Por tanto, lo que importa para la vida no es la gran lotería de las permutaciones de símbolos básicos (monómeros) sino la adquisición de funciones por medio de la selección de estructuras estables, las cuales poseen una alta probabilidad de aparecer y ser seleccionadas. Igualmente, se puede aventurar la conclusión de que la evolución molecular depende en gran medida de las *formas*, tal como aparecen en EIA, y en menor medida a la permutación aleatoria en EID.

La categoría de la *Terceridad* asociada al EAATF permite rescatar la idea de continuidad propia de los procesos vitales, por las siguientes razones. 1. En todos los espacios se pueden identificar variantes distantes un solo paso. 2. El EAATF permite definir funciones vecinas, ó funciones que pueden derivarse a partir de las existentes por medio de modificaciones mínimas de las estructuras presentes. Por ejemplo en el caso de las proteínas, Kauffman [120] ha identificado una serie de funciones catalíticas vecinas.

La pregunta sobre si las *formas* son irreducibles entre sí cobra especial interés puesto que la idea de contigüidad de *formas* y funciones permite sospechar una posible de reducción de una a las otras, aunque sería imposible determinar el conjunto de las *formas* primitivas elementales. Por otra parte, aunque existen *formas* contiguas ó vecinas en EID y EIA claramente identificables, queda sin resolver la manera de calcular la distancia mínima entre dos formas cualquiera en EID. Dada la naturaleza holográfica y degenerada de la codificación digital-analógica resulta imposible dar una respuesta definitiva a este problema. Podríamos tomar las *formas* A y B, por ejemplo, y ubicar sus versiones en EID, para estimar la distancia promedio entre los registros A y B. Sin embargo, esta aproximación resulta imposible dada la dispersión aleatoria de las redes neutras en EID, y por tanto nunca podríamos saber si la distancia estimada es mínima ó no.

3.28. Semiótica de series aleatorias de símbolos: Chaitin y Peirce

De acuerdo a las argumentaciones anteriores, el establecimiento de acoples entre las entidades vivientes u observadores naturales es el resultado de un proceso de medición y producción de registros que poseen una doble naturaleza (digital y analógica). Las características estructurales que participan en los acoplamientos son análogas a descripciones abreviadas. Las descripciones condensadas en forma digital están relativamente al abrigo de influencias externas, pero son susceptibles a influencias internas canalizadas por la intención del agente observador. El único propósito de estos agentes es la extracción de energía utilizable para lo cual se requiere de un desempeño coherente y adecuado.

La experiencia enseña que un número apreciable de descripciones puede abreviarse significativamente por medio de modificaciones que surgen en la interacción con el observador. Según Chaitin una serie aleatoria de símbolos $(0,1)$ no puede comprimirse, pero después de algunas variaciones dirigidas el grado de compresión aumenta en la región donde estas variaciones tuvieron lugar. La intención o metas propias del observador, su tendencia interna a interactuar o a acoplarse lo convierte en un agente causativo de ajustes que permiten descubrir o hacer realidad patrones hasta entonces ocultos. El ajuste recíproco no obedece a una *armonía preestablecida* que no requiere gasto energético, sino que se desarrolla dentro de un proceso interactivo donde la intención del observador a encontrar contrapartes desempeña el papel principal. La intención de los observadores en últimas tiene que ver con la tendencia a capturar energía disponible, mientras que permite la conservación y transferencia de energía que puede conllevar a la perturbación de los patrones internos o dispositivos de medición del observador. Solamente, por medio de la inclusión del carácter transitorio de la acción de medición y de los registros producidos, la dinámica de los observadores internos puede modelarse en términos del tratamiento de la complejidad de Chaitin. Las transformaciones dirigidas debidas a la actividad ejercida por el observador deben pagarse por medio de la disipación entrópica que eventualmente puede afectar los registros existentes. Siempre habrá sectores que permanecen sin comprimir que coexisten con los comprimidos. Los primeros permanecen sin comprimir mientras no induzcan o provoquen a un observador para que ejecute la compresión, y los comprimidos permanecerán como tales mientras haya selección o sigan siendo percibido por algún observador. A medida que fluye la energía, existe una tendencia a comprimir información en los

registros la cual se paga por medio de los incrementos de entropía. Estos incrementos de entropía se manifiestan como perturbaciones que pueden conducir a un borrado parcial de la información codificada en los registros (mutaciones o borrados en el DNA). Este borrado parcial es el único modo como se alivian las restricciones estructurales de los sistemas evolutivos.

La creación de nuevos vínculos no necesariamente implica la disolución de los anteriores, puesto que la transmisión de la fluctuación afecta con mayor probabilidad los motivos no acoplados (neutros) que representan la mayoría. Por ejemplo, el DNA no codante desempeña el papel de amortiguador de las mutaciones [203]. Entre más intensa sea la habilidad para sacar ventaja de las fluctuaciones aleatorias o de la satisfacción de sus fines subjetivos, mayor será la perturbación que se transmite. En otras palabras, entre mayor presión se ejerce sobre un molde, mayor es la perturbación o fracturas inesperadas que lo afectan. Además, recordemos que cada nivel de organización existe dentro de un umbral definido de barreras de energía y que si el trabajo ejercido no es suficiente para desestabilizarlo, el sistema perturbado permanecerá estable y no se degradará en sus subsistemas componentes. Por el contrario para desplazarse hacia arriba en la jerarquía organizada se requiere de un trabajo selectivo, sin embargo a medida que la complejidad aumenta el sistema desarrolla nuevos tipos de reglas algorítmicas que pueden ser utilizadas para comprimir dominios todavía no comprimidos. Por consiguiente, la semiótica opera en el dominio de lo físico y está restringida únicamente por consideraciones termodinámicas y por la presencia de las *formas* reales.

Para desarrollar la teoría de complejidad algorítmica de Chaitin en términos de Peirce, se debe aceptar una ontología de al menos dos niveles jerárquicos de organización que permita de este modo distinguir entre series aleatorias no compresibles suministradas *a priori*, y series aleatorias que aparecen después de la ejecución de un algoritmo de compresión ejecutado por el sistema de mayor nivel de organización. En consecuencias: (1) La *Primeridad* corresponde a sectores aleatorios no compresibles *a priori*, algunos de los cuales tendrían la posibilidad de hacerse compresibles. Las series aleatorias dadas *a priori* son relativas a la complejidad del sistema formal axiomático del observador. (2) La *Segundidad* está representada por los sectores realmente comprimidos o sea las formas definidas y tangibles que ocurren. Estas regiones son aleatorias desde una ontología no jerárquica, pero constituyen entidades ordenadas y acopladas si se perciben desde los niveles superiores. Así, la *Segundidad* es la interfase donde la tendencia a acoplarse y la aleatoriedad generada internamente chocan con las restricciones externas. Por supuesto, que hay que tener en cuenta que una máxima compresión nunca

se alcanza debido a que conlleva una mayor susceptibilidad a riesgos letales en caso de verse afectados por mutación. (3) La *Terceridad* sería equivalente a la *causa formal*, o principio formativo y autorganizante, que puede entenderse como la tendencia a encontrar regularidades y patrones permitiendo de este modo la elaboración de descripciones comprimidas¹⁵.

En la evolución de las series binarias, tendríamos los siguientes casos:

- a) (No-compresible) $t_0 \implies$ (No-compresible) t_1 : una serie permanece incompresible independientemente del sistema formal usado para su estudio.
- b) (No-compresible) $t_0 \implies$ (Compresible) t_1 : una serie no compresible se hace compresible cuando se estudia utilizando un sistema formal más complejo, o cuando ha sido modificada de modo que el sistema formal previo ahora si puede explicarla.
- c) (Compresible) $t_1 \implies$ (Comprimida) t_2 : una descripción comprimida se obtiene después de la ejecución del algoritmo apropiado.

Supongamos una serie de dígitos (O) que hace parte del mundo externo que puede ser experimentado por una entidad viviente (S) que lucha por vivir en una subregión de este mundo (O). S posee un dispositivo de medición o discriminación M que utiliza para buscar acoplamientos que le permitan capturar la energía disponible, pero esta meta no se puede alcanzar gratuitamente. S tiene que ejecutar un trabajo para poder tener éxito en esta empresa. En la figura 1.15, la línea representa el acoplamiento y la flecha el trabajo ejecutado por (S) sobre (O). M reconoce un conjunto de elementos convirtiéndose en una descripción abreviada incorporada en S como M'. Esta acción de acoplamiento afecta la matriz donde está buscando el acoplamiento y ésta perturbación representa el incremento de entropía que paga el costo de acoplamiento. La perturbación explica la permanencia de subregiones no comprimidas y redundantes descritas en teoría evolutiva como variaciones neutras.

Las compresiones esclarecen la inteligibilidad que estaba escondida en el estado anterior no comprimido. La suposición fundamental de toda ciencia es la existencia de un universo ordenado y inteligible. Siguiendo la misma lógica, podemos afirmar que el orden del universo es compatible con los procesos

¹⁵La compresión de series de símbolos es una actividad típicamente semiótica porque requiere la identificación de patrones y regularidades que permiten la compresión como resultado de una actividad correspondiente a la *Terceridad*. Como resultado la compresión de la información codificada digitalmente da lugar a formas funcionales.

biológicos puesto que existe al menos un mundo (nuestro planeta) en el cual ha emergido la vida. Por consiguiente, el mundo debe poseer una propiedad análoga a la compresibilidad algorítmica para que la vida pueda existir. Me he permitido concluir que las formas de vida están adaptadas al descubrimiento de los dominios compresibles apropiados. Ellas poseen compresiones algorítmicas incorporadas en su estructura. Sin embargo, hay que subrayar que las compresiones apropiadas y adecuadas son únicamente las que satisfacen o se ajustan a una *forma* predefinida. Las *formas* permiten recuperar y almacenar las descripciones comprimidas. Las descripciones digitalizadas cuando se comprimen colapsan y se materializan en formas funcionales.

En el experimento teórico de Maxwell, el demonio o agente colector y usuario de la información mide y computa posiciones y velocidades de partículas, sin embargo, estas acciones constituyen únicamente el aspecto matemáticamente formalizable de la actividad del demonio. El demonio para poder ejecutar su trabajo requiere de algún órgano sensorial que trabaje con imágenes y reconocimiento analógico de patrones. A medida que aumenta la organización lo que entonces era no medible se convierte en medible. Por tanto, el demonio debe desarrollar dispositivos de medición que están representados en cualquier motivo estructural que pueda usarse para tal fin, aunque la agencia de esta actividad siempre se experimenta como una unidad. La analogía entre seres vivos y demonios de Maxwell solamente apunta al aspecto matemáticamente formalizable de lo que un ser vivo puede sentir y experimentar.

La transición de la codificación analógica (reconocimiento de patrones tridimensionales) a la digital (lineal) conlleva una pérdida de información. Este fenómeno equivale al paso de una imagen (percepción) a un enunciado (cognición). El reconocimiento enzima-sustrato es directo y total, a pesar de depender de secuencias lineales altamente específicas, no elimina completamente la información no-relevante en términos de secuencia, porque este tipo de información se requiere como soporte estructural del sitio activo. La compresión de información tiene lugar en la transición analógico digital [204], puesto que la información dependiente del contexto puede ser eliminada. La forma adecuada que está codificada en una serie comprimida es todo lo que se necesita para la actividad de un sistema vivo, es decir el establecimiento de interacciones que permiten continuar con el proceso de medición y producción de registros.

3.29. Selección Natural y causalidad aristotélica

El principio de selección natural propuesto por Darwin es congruente con aproximaciones mecanicistas según el cual las entidades vivientes se pre-

servan o eliminan de acuerdo a presiones externas. Para el darwinismo, la selección, entendida como la supervivencia del más apto, es como un filtro sobre las poblaciones; aquellos organismos que logran sobrevivir son los productos o registros de esta actividad. En este esquema las características invariables de los registros no manifiestan un potencial innovador o creativo, hecho que lleva a concebir la selección natural como el mantenimiento de un equilibrio ante las perturbaciones del ambiente. La constancia a nivel macroscópico es una característica de los modelos mecánicos, y en este sentido la selección natural no es una excepción. La selección natural concebida como un proceso independiente de la generación de variación es un buen ejemplo de discurso mecánico. El discurso darwinista es apropiado para estudiar la evolución de los registros, pero es insuficiente si pretendemos indagar sobre cómo se dan los procesos de selección y elaboración de registros. El proceso de selección es mucho más rico que sus resultados. La dinámica constante a escala micro tiene implicaciones impredecibles y por tanto, es la causa del potencial evolutivo.

El neodarwinismo adoptó el espíritu del mecanicismo al establecer una distinción tajante entre el proceso de selección y la producción de variabilidad (mutación). Pero el estudio de la dinámica evolutiva a nivel micro va más allá del mecanicismo, al admitir las contingencias internas propias de este proceso. La inclusión del azar ha dado lugar a dos aspectos aparentemente opuestos de la misma realidad: procesos contingentes (azar) y resultados definitivos (necesidad). La introducción de la probabilidad en cada evento individual y aleatorio convierte el argumento total en una descripción macroscópica, debido al carácter universal que presenta la distribución de frecuencias. Sin embargo, la utilización de la estadística no da cuenta del potencial dado por la existencia de las fluctuaciones azarosas en proceso de amplificación. La fluctuación azarosa como potencial evolutivo es compleja y no puede explicarse únicamente en términos de causas eficientes, ni de perturbaciones externas.

Sería más correcto afirmar que en cada instancia actúan conjuntamente las causas materiales, eficientes, formales y finales. Esta situación se representa en la figura 3.2, donde se muestra que la causalidad clásica y el finalismo convergen en la estructura de los sistemas organizados jerárquicamente. Las causas materiales y formales son intrínsecas al nivel objeto de estudio y están dadas por su materiales constitutivos y su patrón de organización característico. Estas dos causas actúan sincrónicamente. La discusión sobre los organismos como demonios de Maxwell permite establecer que las causas *Material* y *Formal* están íntimamente asociadas y representadas por los patrones de organización local que surgen como consecuencia de la disipa-

ción de entropía durante el proceso de codificación. Por otra parte, parecería que las causas eficiente y final son extrínsecas al nivel de organización en cuestión y están dadas por los niveles de organización adyacentes dentro de un sistema jerárquico de organización. La causa *eficiente* corresponde a la dinámica azarosa de las unidades constitutivas (nivel inferior), y la *final* a las restricciones impuestas desde el nivel superior. Estas dos causas actúan diacrónicamente. La causa *final* está en consonancia con la tendencia global a incrementar la entropía con el fin de reducir los gradientes energéticos [205, 206]. Los agentes selectores tienen como finalidad optimizar la extracción de energía, y actúan como intermediarios entre la materia y la energía a medida que ésta se disipa. La causa *eficiente* se intensifica por medio de la disipación de entropía que favorece la creación de nuevos gradientes de energía. Por tanto el circuito autorreferencial se explica si aceptamos que la causa *final* se convierte en el originador permanente de la causa *Eficiente*.

Para concluir, desde la perspectiva internalista las causas eficiente y final tienden a coincidir. Las variaciones circunstanciales interpretadas de acuerdo al conocimiento de las probabilidades de retención de las características heredadas, constituyen el fundamento mecanicista para explicar la dinámica evolutiva. Sin embargo, estas probabilidades podrían modificarse por variaciones imprevistas que no tienen nada que ver con la estimación de las mismas. Dentro del mecanicismo, las variaciones azarosas se definen en función de las estimaciones macroscópicas previas, en otras palabras, las causas que generan estas variaciones aleatorias no se tienen en cuenta, ni siquiera se mencionan, dando lugar a una regresión infinita de causas eficientes, que nunca logran dar cuenta del azar. Aunque los eventos aleatorios no violan las leyes físicas, el esclarecimiento de las causas de la variación (fluctuaciones) no hace parte del programa mecanicista. Las descripciones mecanicistas siempre están sujetas a las limitaciones que se desprenden de su afán por encontrar las causas últimas de las causas eficientes. Por el contrario, la reintroducción de las causas *formales* y *finales* daría lugar a un esquema que, al atribuir un papel más modesto a la causa eficiente, evita tener que recurrir a la regresión infinita.

Con el fin de poder incluir la contingencia dentro de la descripción dinámica, se debería estudiar el potencial creativo asociado a las variaciones aleatorias; por ejemplo, examinar los espectros de variación neutra a lo largo de un proceso adaptativo. Igualmente habría que estudiar las perturbaciones que se generan a consecuencia de los mismos procesos de adaptación y selección.

La incertidumbre en la fuente de variación no sólo radica en la imprevisibilidad de los eventos que están por ocurrir sino, sobre todo, en la dificultad

de coordinar un reajuste particular con otros que tienen lugar al mismo tiempo dentro del sistema. La ambigüedad latente en cada acción circunstancial a escala micro se propaga también de manera indefinida en las acciones siguientes. Los factores causativos para cualquier acción micro están condicionados históricamente por las acciones precedentes y la indefinición es, por tanto, inagotable.

En biología está ampliamente difundida la idea de que el proceso de selección natural requiere de la existencia de variaciones azarosas previas (variación \implies selección), pero permanece sin desarrollar la idea opuesta (selección \implies variación) que cerraría el ciclo: variación \implies selección \implies nueva variación. En otras palabras, la selección natural como proceso va produciendo una serie de situaciones selectivas, que dan lugar a las transacciones ulteriores, por medio de la producción y transmisión de las variaciones aleatorias (neutras) todavía no seleccionadas. La incertidumbre aparecería en todas las etapas iterativas subsiguientes. De este modo, el proceso de selección es causa de la variación, puesto que al producir un registro adaptativo, crea la necesidad de una serie de adaptaciones posteriores. En palabras de Van Valen [207], las respuestas adaptativas perturban las condiciones anteriores a la adaptación en otra parte del sistema y de este modo causan la necesidad de adaptaciones ulteriores [207].

Desde este esquema internalista que he tratado de esbozar, la causa eficiente —dada por la dinámica micro— y la causa final —que actúa desde los niveles superiores favoreciendo la consistencia— tienden a coincidir y expresan la dimensión diacrónica del sistema. La tendencia interna (*besoin*) a optimizar la extracción de energía por medio de la obtención de una descripción consistente (causa *final*) se convierte en la misma causa de la incertidumbre y perturbación aleatoria (causa *Eficiente*). Ésta es, tal vez, la contribución más relevante que se desprende del desarrollo de la metáfora de los seres vivos como agentes observadores y descriptores naturales. Para Kant nuestra razón no puede concebir la posibilidad de unir estos dos tipos de causalidad tan opuestas porque pertenece al sustrato suprasensible de la naturaleza. Sin embargo, la termodinámica y el evolucionismo están en posición de contribuir a la filosofía resolviendo este interrogante que reconcilia el mecanicismo con el vitalismo.

Capítulo 4

Epílogo

4.1. Organización jerárquica

Hemos visto que el mecanicismo propone la existencia de unidades o entidades básicas constitutivas de materia a partir de las cuales se producen entidades de mayor grado de organización. Las cualidades atribuibles a estas entidades fundamentales carentes de estructura interna se reducen en últimas a tamaño, volumen, masa y forma. El atomismo surge como una exigencia de la racionalidad que requiere de unidades fundamentales inmutables y de unas reglas de interacción entre ellas para poder formalizar las leyes de la naturaleza. Por oposición a este punto de vista las escuelas vitalistas del siglo XVIII propusieron que la materia en su nivel fundamental también estaba dotada de *sentimiento*, hecho que dejaba implícito la existencia de una estructura interior. Posteriormente, Lamarck matizó esta propuesta señalando que el *sentimiento* como tal no está presente en la materia a nivel atómico pero que a medida que aumenta la organización el *sentimiento interior* se manifiesta de una manera cada vez más intensa.

Lamarck postuló por primera vez que la evolución procede de lo más simple a lo más *perfecto* [208]. La *perfección* se concebía como una diversificación creciente de las partes seguida de una mayor sofisticación de los sistemas de coordinación interna para preservar la actividad coherente como una unidad. En este sentido el concepto de *perfección* se aproxima a lo que intuitivamente denominamos hoy en día como complejidad. Pronto este punto de vista habría de abrir camino a la idea de que la mayor complejidad implica un tipo de organización jerárquica. Desde entonces el pensamiento jerárquico ha hecho presencia de diversos modos en la historia de la biología.

Bajo la influencia del mecanicismo la biología se propuso identificar sus

propias unidades fundamentales o atómicas dentro de un esquema puramente estructuralista. En repetidas ocasiones se ha afirmado la existencia de la “unidad fundamental” de la vida como una exigencia epistemológica pero sin llegar a un consenso sobre su naturaleza ontológica, por esta razón su identificación ha variado a lo largo de la historia. Por ejemplo, las moléculas “orgánicas” o vivientes [63], los organismos [146], las células [65], las poblaciones [39] y los genes [37].

Virchow en su tratado “Cellular Pathologie” afirmó:

“... cada animal representa una suma de unidades vitales, cada una de las cuales lleva en sí misma el carácter total de la vida. El carácter y la unidad de la vida no pueden encontrarse en un determinado punto de una organización superior, sino tan sólo en la organización *-Einrichtung-* determinada y regular, que en sí lleva cada elemento singular. Se deduce de ello que la estructura *-Zusammensetzung-* de un cuerpo mayor, del denominado individuo *-des sogenannten Individuums-* es siempre el resultado de una especie de organización de tipo social, en la que una masa de existencias individuales dependen unas de otras, pero de tal modo que cada elemento posee una peculiar actividad y de cada uno de ellos, aun cuando reciba de otra parte el estímulo para su actividad, procede la propia ejecución (...) se trata de una federación celular *-Zellbund-*” [65].

Con el advenimiento del darwinismo el pensamiento evolutivo se centró en el concepto de organismo como unidad de selección, dejando de lado las escalas celular y molecular que pasaron a ser parte del contenido de la caja negra de las variaciones aleatorias. El desconocimiento de la estructura celular, de la microbiología y, sobre todo, de las macromoléculas características de los seres vivos, impidió el desarrollo del pensamiento jerárquico en el siglo XIX.

Adelantándose a su época Weismann dio un fuerte apoyo a la concepción jerárquica al defender la tesis de que el principio de selección actúa sobre todas las categorías de unidades vitales y no sólo sobre los organismos [179]. Es decir, la selección natural no se restringe a los organismos en competencia, sino que también se da a escala celular y molecular.

Prenant en un texto dirigido a Haeckel, en 1904, afirma:

“Las unidades individuales pueden ser de tal o cual grado. Un ser viviente nace como célula, individuo - célula; después la individualidad celular desaparece en el individuo o persona, formado de una pluralidad de células, en detrimento de la individualidad personal; ésta puede ser borrada a su vez, en una sociedad de personas, por una individualidad social. Lo que sucede cuando se mira la serie ascendente de múltiplos de la célula que

son la persona y la sociedad, se repite en los submúltiplos celulares: las partes de la célula, a su vez, poseen un cierto grado de individualidad absorbido en parte por la más elevada y potente de la célula. De arriba a abajo existe la individualidad. La vida no es posible sin la individuación de lo que vive” [16].

A lo largo del siglo XX, los avances en microbiología, biología del desarrollo, biología celular y molecular permitieron retomar esta línea de pensamiento dándole una nueva presentación. De acuerdo con este punto de vista, la vida es una organización de tipo jerárquico, en la cual unas “unidades” están incluidas dentro de otras de orden superior y éstas a su vez están contenidas en otras de orden aún mayor, y así sucesivamente¹.

Podría aceptarse que cada una de las entidades postuladas como fundamentales en realidad representan diferentes niveles de organización y que por tanto, no existe una unidad fundamental de la vida, sino una estructuración compleja con diferentes niveles. Sin embargo para poder calificar como nivel de organización, las unidades en cuestión deben poseer la autonomía de un agente observador y codificador de información tipo demonio de Maxwell. Es decir, en lugar de resolver el problema de la identificación de las unidades de la vida a un nivel puramente estructural, habría que identificarlas en cuanto constituyen unidades de experiencia, acción ó interacción. De esta manera la naturaleza ontológica de las unidades de vida resultaría más evidente.

De este modo se considerarían como unidades de selección solamente aquellas que tuvieron la posibilidad de tener una existencia autónoma a lo largo de la evolución. La vida comenzó al nivel molecular, probablemente como proteinoides que dieron lugar a la formación de redes catalíticas [209]. En la medida que las propiedades autocatalíticas de las moléculas se complementaban, se favoreció la producción de complejos metabólicos de un orden superior ó circuitos catalíticos cerrados en el sentido de que todas las moléculas participantes se producen al interior del mismo a partir de constituyentes básicos que entran al sistema. Estos complejos autocatalíticos y metabólicos dieron lugar a sistemas autorreplicantes que de hecho actuaban como unidades de selección o agentes sujetos de interacciones. Pero la evolución no se detuvo ahí, sino que fue elaborando otras unidades, alejando a las primeras de una interacción directa con el ambiente exterior. Los niveles inferiores generan sus propias restricciones cuando las unidades nuevas reemplazaron al medio externo como agente de selección de las unidades de organización inferiores. Por ejemplo, la célula selecciona los cambios o fluctuaciones que pueden tener sus macromoléculas constitutivas. El mismo principio se aplica

¹Véase figura 4.2 y 3.2

para el caso del organismo con respecto a las células, o de la población con respecto a los organismos.

Las unidades inferiores de organización pueden influir sobre las unidades superiores e introducir de hecho alguna modificación en ellas, pero a condición de que las fluctuaciones en la unidad inferior no afecten la perpetuación de la unidad superior. Hay por consiguiente, dos tipos de interacción entre una unidad de orden inferior y otra de orden superior, una creativa cuando el cambio en la unidad inferior le abre nuevas posibilidades de relación con el entorno a la unidad de organización superior. Otra conservadora que impide la aparición de modificaciones que favorezcan la proliferación excesiva de las unidades inferiores a expensas de la unidad superior.

Entre las dos unidades pertenecientes a niveles de organización adyacente se establece un conflicto, que conduce a la desestabilización de la estructura (eliminación), o por el contrario a una interacción sinérgica (supervivencia). Los distintos tipos de estructuraciones a lo largo de la evolución fueron surgiendo como respuesta a los conflictos, por medio de compromisos o reacomodamientos estructurales que dieron vía a la aparición de nuevas interacciones.

Los organismos como unidades características de la naturaleza viviente son el producto derivado de etapas previas de la evolución molecular prebiótica, así como de la evolución microbiana y celular, en la que los principios generales de interacción (medición y creación de registro estructural) se cumplen. Por consiguiente, la evolución es la historia de la aparición de los distintos agentes selectores o unidades de experiencia, como consecuencia inevitable de un proceso irreversible a partir de unidades más simples que son al mismo tiempo unidades de replicación, variación, selección e interacción.

Desde una óptica termodinámica, la evolución es un fenómeno que involucra a sistemas lejos del equilibrio. Por ejemplo, la especiación sería un caso particular de un principio general, expresado como orden por fluctuaciones, propio de estructuras disipativas que se mantienen a una distancia crítica del equilibrio [12]. La especiación produce una organización jerárquica históricamente restringida, aunque no permite predecir las formas que adopta.

Por otra parte, es interesante caer en cuenta que muchas de las características descritas para los sistemas organizados jerárquicamente son compatibles con las deducibles a partir del modelo cosmológico de Layzer [51]. Según este modelo, la expansión del espacio conlleva al incremento de todos los parámetros del espacio fase. El ruido y las tendencias a la aleatorización tienden a distribuir las partículas por todo el espacio fase. En los niveles in-

feriores, el ruido es mayor que las restricciones (las fuerzas de corto alcance y la gravitacional); la tendencia organizativa es < 1 . En los niveles superiores, las fuerzas gravitacionales entre un número muy grande de partículas se imponen sobre el ruido, dando lugar a una tendencia ordenadora > 1 . De un modo análogo, en los organismos los errores de replicación y mutaciones corresponden al ruido. El efecto mutacional puede verse como una tendencia al desorden, que se contrarresta por la acción de los niveles superiores. La carga histórica heredada es la fuente de restricciones que producen una tendencia ordenadora.

Salthe [30] sistematizó algunas características generales aplicables a este tipo de organización, entre las cuales están las siguientes:

1. En cada tipo de jerarquía se dan unidades contenidas dentro de las otras. A partir de cualquier nivel las escalas aparecen en ambas direcciones: hacia “arriba” y hacia “abajo”.
2. Cada nivel tiene sus propias reglas de estructuración y presenta un comportamiento cuasi-independiente. En otras palabras, no hay transitividad directa de efectos a través de los niveles. Las relaciones entre entidades de diferentes niveles son indirectas y se dan a través de las restricciones mutuas que se producen; se trata de una autonomía limitada por el contexto.
3. Las descripciones propias de cada nivel no se interfieren y son incompletas; la consistencia proviene de reglas impuestas por el nivel superior. En consecuencia, los sistemas no son descomponibles completamente en niveles aislados.
4. Los niveles presentan simultáneamente un comportamiento determinista y azaroso; el primero, asociado a las restricciones que los niveles superiores ejercen sobre los inferiores, y el segundo, asociado a las variaciones de los niveles inferiores.
5. Las variaciones producidas en los niveles inferiores son susceptibles de amplificación. La amplificación es necesaria para entender cómo una parte (nivel inferior) puede llegar a afectar el todo (nivel superior).
6. Entre mayores sean las diferencias a nivel de escala, más débiles son las restricciones que ellos imponen o menos frecuentes las perturbaciones que se dan entre ellos. Sin embargo, las perturbaciones generadas a niveles distantes, aunque raras, tienden a ser más intensas que las provenientes de niveles cercanos.

7. Cada nivel tiene su propio ritmo de cambio y desarrollo o sus propias escalas de temporalidad. Los niveles inferiores presentan tasas de cambio más rápidas y tiempos de relajación más cortos que los superiores.
8. Cada nivel tiene características únicas, aunque entre niveles diferentes se dan analogías entre procesos.

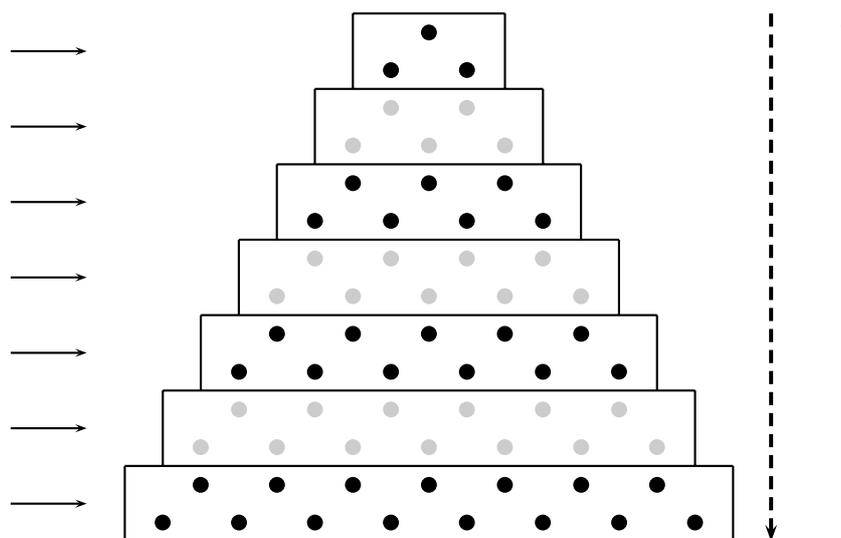


FIGURA 4.1. Jerarquías de especificidad. La especificidad es relativa al sistema observador. De abajo hacia arriba se expresa una línea de ascenso de lo general a lo particular. De arriba hacia abajo están ordenados de mayor a menor especificidad (Flecha punteada). El nivel más específico arriba tiene la prioridad lógica, mientras que el nivel más general abajo tiene la prioridad histórica.

Todas estas características dependen de las escalas métricas y temporales propias de cada nivel y son de hecho compatibles con la visión externalista clásica de la ciencia. Sin embargo con el fin de enriquecer las caracterizaciones precedentes, si queremos introducir un criterio jerárquico que tenga como referente la observación interna, debemos definir jerarquías de interacción las cuales dependen del grado de especificación que la respectiva unidad de experiencia o agente observador logra plantear.

Estas jerarquías van de los niveles más generales e influyentes a los más particulares y específicos, yendo de lo general a lo particular, encontramos que las leyes físicas tienen una cobertura mayor que las químicas, y éstas que las biológicas, y así sucesivamente. (Figura 4.1). Además, toda entidad posee

propiedades dependientes de la información codificada (información digital), a la vez que presentan propiedades dinámicas relativas a las posibles interacciones que pueden establecerse, (información analógica). En otras palabras en cada nivel debe darse la propiedad de convertir información analógica en digital.

En oposición diametral al planteamiento externalista, en las jerarquías de unidades de experiencia o de entidades dotadas de una actividad interior de tipo cognitivo, las que poseen una mayor estructuración interna (más subniveles contenidos dentro de sí mismo) deben poseer la prioridad. En otras palabras, la prioridad no debe residir en el nivel que consideramos más general sino en el más específico. No se trata de invertir la jerarquía sino de mostrar que cada nivel posee su propia especificidad que no puede ser reducida a las propiedades de los niveles inferiores.

Aclaremos, desde un punto de vista histórico el nivel que tiene la prioridad es el más general, en concordancia con la ley del desarrollo epigenético de Von Baer que va de lo general a lo específico [30]². Pero si hacemos un corte en el tiempo y consideramos lo que existe en un momento determinado, la prioridad corresponde al nivel objeto de estudio por cuanto corresponde a una unidad de experiencia y observación que distingue detalles de su entorno en conformidad con su organización interna.

Resumiendo, desde una óptica internalista en la especificidad propia de cada nivel reside su capacidad de actuar como agente semiótico evolutivo. Cada nivel debe ser estudiado como tal y en referencia a los dos niveles adyacentes inferior y superior. El estudio de la unidad y actividad propia de cada nivel requiere inevitablemente de sus referentes inferior y superior, así como la *Segundidad* de Peirce se explica en función de una *Primeridad* y una *Terceridad*. La *Segundidad* o nivel de estudio refleja una actividad a partir de un azar o potencialidad contenido en el nivel inmediatamente inferior *Primeridad*, y de una actividad organizadora que actúa dentro de las restricciones impuestas por el nivel superior *Terceridad*. La unidad refleja inevitablemente la triada.

Eldredge [210] propone la existencia de jerarquías genealógicas y ecológicas. La jerarquía escalar de tipo genealógico está constituida por sistemas replicadores y reproductores (genes, organismos, especies, taxón monofilético). Esta jerarquía es consecuencia de la tendencia que expresan las entidades a producir más de sí mismas generando una continuidad genealógica a

²Recordemos que para Von Baer, el desarrollo epigenético está dado por una secuencia de estadios, que siguen un camino irreversible de lo general (con amplias posibilidades) a lo específico (con posibilidades cada vez más reducidas).

diferentes escalas. Por otra parte, la jerarquía ecológica está constituida por sistemas de transferencia energética mediados por interactores (proteínoides, células, organismos, poblaciones, comunidades y ecosistemas), o entidades que funcionan e interactúan como individuos en el proceso evolutivo. La jerarquización ecológica es del tipo de especificidad, dado que las interacciones posibles tienen que ver con el nivel de discriminación que las entidades participantes logran establecer.

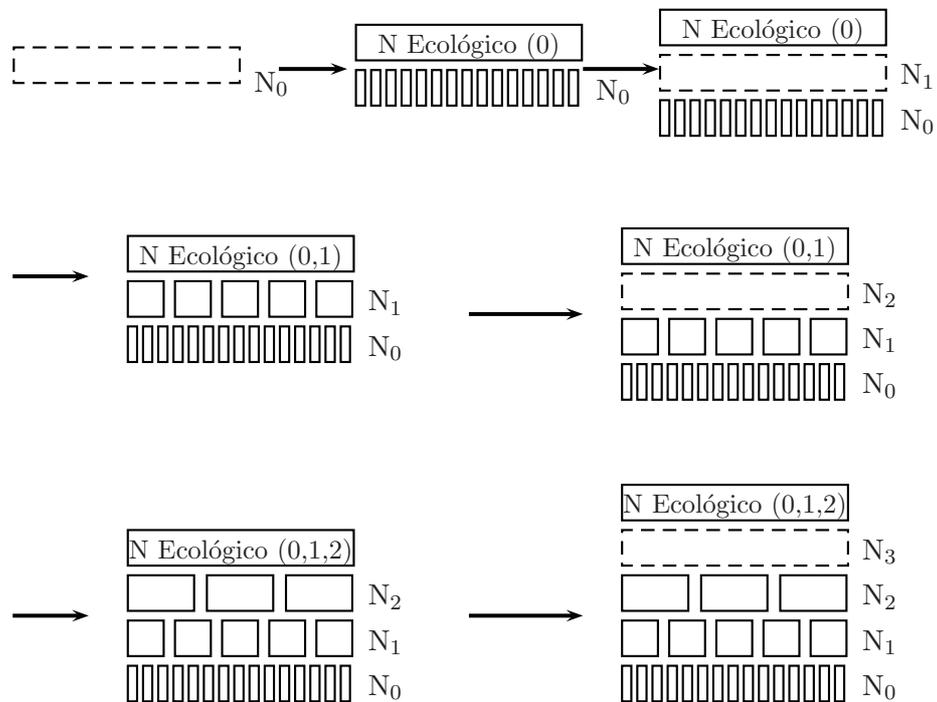


FIGURA 4.2. Niveles de organización y su naturaleza dual: Analógica y digital. Cada nivel representa una naturaleza dual: continuo (hacia arriba) y discontinuo (hacia abajo). El nivel ecológico (arriba) siempre está presente y se va modificando por la introducción de nuevos niveles. En las interfaces pueden aparecer nuevos niveles que se van instalando con modificación del nivel inmediatamente superior.

Sin embargo, si las unidades de experiencia son al mismo tiempo replicadores e interactores [211], se hace necesario fundir en una entidad tipo IGUS los dos tipos principales de jerarquías (la interactiva o ecológica y la replicativa

o genealógica). La asociación íntima entre ellas debe ser esclarecida dentro del marco de una nueva síntesis en la teoría evolutiva (véase figura 4.2).

Es indudable que existe una fuerte interacción recíproca entre los procesos ecológicos y los genealógicos. La introducción de una nueva variación en las entidades genealógicas en cada nivel, así como su selección, están influenciadas por su interacción con el entorno. Por medio de la replicación y la reproducción, se producen los interactores que, como resultado de sus dinámicas van seleccionando las variantes de replicadores que se constituyen en los interactores de la siguiente generación. La dualidad interactor-replicador es equiparable a la dualidad entre lo catalítico y lo informático, o entre fenotipo-genotipo, o entre analógico-digital. Ser unidad de interacción (interactor) significa ser un agente de medición y productor de registros, y ser unidad de replicación (replicador) significa haber generado un registro digital que puede ser copiado.

La dualidad interactor-replicador se resuelve en la naturaleza triádica propia de la forma Analógico-Digital-Actividad (ver capítulo 3). ¿En qué medida las entidades vivientes son lo que son como consecuencia de un proceso de autoorganización dependiente de unas condiciones definidas de entorno (jerarquía ecológica), o por determinación estructural heredada dependiente de información codificada previamente (jerarquía genealógica)?

Las jerarquías se han convertido en el esquema central para la discusión del comportamiento de sistemas complejos; por tanto el problema principal concierne a lo que ocurre entre los niveles y las relaciones entre los aspectos genealógicos y ecológicos de las mismas. Es decir que el modelo jerárquico de organización debe ser desarrollado de modo que pueda dar cuenta de las interacciones entre niveles, y permita estimar cuantitativamente qué tanto es aleatorio y qué tanto genera acoplamientos. Además, debe tratar de responder a la emergencia de lo funcional.

De acuerdo a lo anterior propongo la hipótesis de que las entidades de organización jerárquica de la naturaleza son ante todo unidades de experiencia tipo agentes colectores y usuarios de la información. Su actividad conduce a un aumento global de entropía que se actualiza en una mayor diversidad de formas. Este hecho se traduce en una tendencia entrópica a llenar el espacio de formas correspondiente al EIA (Espacio de Información analógica). La mayoría de las teorías jerárquicas aceptan que los niveles de organización emergen encima de los niveles inferiores adyacentes, lo que sería parcialmente cierto. Sin embargo debemos comprender que los niveles superiores o ecológicos siempre están presentes puesto que corresponden a la continuidad creada por las interacciones entre las unidades de experiencia existentes. Estas interacciones son el resultado de reconocimientos analógi-

cos. Este nivel superior ecológico no es estático sino que evoluciona al ir incluyendo las nuevas unidades que van emergiendo de los niveles inferiores.

Designemos a “ N_o ” como el nivel fundamental que presenta una naturaleza dual digital (discontinua) y analógica (continua). A medida que la red de interacciones entre las unidades de experiencia propias de este nivel se va estableciendo el EIA correspondiente se va explorando. Ver figuras 3.22 y 4.2

1. A medida que la exploración del EIA (N_o) avanza y se aproxima a su llenado, va surgiendo un nuevo nivel (N_1).
2. Este nuevo nivel en emergencia atraviesa un ciclo de desarrollo. Una etapa temprana donde predomina la información analógica que va a permitir la diferenciación entre una digital ($N_{1\text{ digital}}$) y analógica ($N_{1\text{ analoga}}$). Es el inicio de la codificación como resultado de las interacciones.
3. Una etapa de madurez donde las instancias digital ($N_{1\text{ digital}}$) y analógica ($N_{1\text{ analoga}}$) se mantienen unidas por medio de la agencia semiótica que mantiene el contenido de información mutua $K_{\text{digital:analoga}}$ en un valor suficientemente adecuado para asegurar la cohesión del sistema.
4. Una etapa de senectud donde a causa de la saturación y llenando del EIA ($N_{1\text{ analoga}}$) la producción de entropía se ve disminuida agotando las posibilidades evolutivas del sistema.
5. La dinámica evolutiva se revitaliza con la emergencia de nuevos niveles (N_2 y N_3) en las interfases. La expansión entrópica no se detiene porque el espacio de estructuras este lleno; sino que justamente continua en el nuevo espacio que ha emergido. Más aun ahora la disipación es mayor por que las formas más complejas requieren para su mantenimiento de niveles mayores de disipación de entropía, figura 4.3.
6. La energía disipada al entorno por los niveles inferiores se convierte en parte de la energía disipada internamente por los niveles superiores. Igualmente la energía disipada al entorno por los niveles superiores es reciclada en parte por los niveles inferiores.
7. De nuevo, el nivel emergente empieza a desdoblarse en instancias cada vez más diferenciadas: ($N_{2\text{ digital}}$) digital - ($N_{2\text{ analoga}}$) analógico, y ($N_{3\text{ digital}}$) digital - ($N_{3\text{ analoga}}$) analógico.

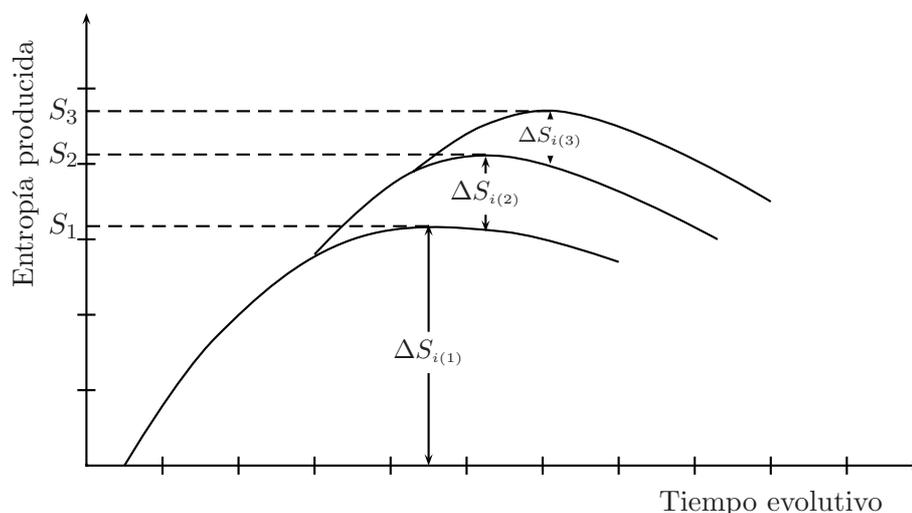


FIGURA 4.3. Entropía disipada en función del tiempo evolutivo. Las curvas corresponden a la emergencia de cada uno de los niveles de organización. Emergencia, plenitud y estabilización de los niveles de organización. Los nuevos niveles emergen antes que culmine el desarrollo de los niveles inferiores. Los niveles más complejos o con mayor estructuración interna disipan más entropía que los inferiores. En cuanto a la producción de entropía interna los niveles inferiores presentan una producción mas alta que los superiores. $\Delta S_{i(1)} > \Delta S_{i(2)} > \Delta S_{i(3)}$ En cuanto a la producción de entropía hacia el exterior los niveles superiores presentan una producción más alta que los inferiores.

$$\Delta S_{e(3)} > \Delta S_{e(2)} > \Delta S_{e(1)}$$

Un nuevo nivel aparece antes de que culmine la evolución del nivel inferior. La emergencia de un nuevo nivel requiere al menos dos condiciones.

1. Llenado o saturación del espacio de formas AIS correspondiente al nivel inmediatamente inferior.
2. Decrecimiento de la información mutua entre los registros digital y analógico en el nivel anterior, de modo que para mantener la cohesión se requiera la introducción de un nivel intermedio.

El desarrollo de esta hipótesis de trabajo abrirá caminos en un futuro cercano para el entendimiento de la organización jerárquica desde una perspectiva internalista.

4.2. Transdisciplinariedad y conjura del vitalismo

El hombre, a lo largo de su actividad transformadora de la naturaleza, fuente permanente de creación cultural, ha trazado las barreras, establecido los límites y definido en cada caso qué es lo separable. El conocimiento fluye y se hace realidad en la actividad permanente, que a su vez modifica el propio mundo de experiencia. La codificación de esta realidad ha requerido la construcción de sistemas de clasificación. Agrupamos en clases para que la palabra o el concepto general nos ahorre en cada momento una descripción minuciosa de la realidad circundante. Las categorías y sistemas de clasificación tienen, por tanto, una utilidad pragmática; sin embargo, no son absolutas e inamovibles, puesto que los criterios que las definen y las características empleadas para hacer las separaciones muchas veces no se prestan para una distinción libre de toda ambigüedad.

Con el advenimiento de la revolución científica el ideal racionalista de generar descripciones universales lógicamente consistentes se abrió camino. Dentro de este marco general, deberían caber las distintas áreas del conocimiento que comenzaban a tomar un curso independiente, pero siempre sometidas a los criterios de validación y autoridad elaborados por la física. Es decir, el hombre pasó a convertirse en el único observador legítimo del mundo natural, desde una perspectiva externalista que trataba de describir un universo sordo a sus clamores. En consecuencia, los enfoques vitalistas debieron ceder en su ambición, acomodándose a la perspectiva mecanicista. Este proceso implicó trazar una barrera entre lo pensado y el proceso de producción del pensamiento, o entre la descripción de un objeto en un texto digital y la actividad necesaria para generar la descripción.

Sin embargo, debido a la persistencia de experiencias de tipo intuitivo, no se pudo eliminar la percepción de la realidad como un todo inseparable, que nos hace sentir observadores participantes del mundo natural y social. Pero, esta experiencia participativa, al ser verbalmente incomunicable y no formalizable en términos de la lógica formal, hizo que fuera relegada a esferas ajenas al dominio de la ciencia.

La experiencia participativa es directa, inmediata y circunscrita al dominio de interacción que podemos establecer. Por tanto, aunque conduce a un enriquecimiento parcial del conocimiento, no siempre es fácil su generalización por cuanto no sabemos cómo relacionarla con la experiencia ajena. No obstante, el carácter vital de estas experiencias inevitablemente lleva a ubicar al sujeto (observador) como centro de referencia de las descripciones o mapas que elabora. El sujeto participativo, como entidad viva, reivindica para la vida un papel prioritario como referente de todo conocimiento;

es decir, la originalidad de lo viviente se convierte en un hecho primario e irreducible, punto de partida de cualquier desarrollo conceptual.

A raíz de la fragmentación y jerarquización de los saberes, la vida pasó a concebirse como un fenómeno derivado de procesos universales mecánicos que la despojaban de sus características más relevantes. En la búsqueda de la objetividad, los sujetos, ausentes desde entonces de sus propias descripciones, remitieron la naturaleza viviente a principios explicativos mecánicos, resucitando el fantasma del vitalismo cada vez que se enfrentaban a un escollo.

Por consiguiente, las disciplinas compartimentalizadas del saber, sometidas a la autoridad del mecanicismo, son una representación idealizada de una naturaleza despojada de subjetividad. No obstante, el mecanicismo en su momento constituyó la única vía para proporcionar un conocimiento manipulable a corto plazo. El conocimiento aplicado es directamente proporcional a la brecha trazada, así que entre menos conexiones reconocemos entre los procesos debido a su aislamiento artificial en el laboratorio, más aplicable es el conocimiento elaborado, pero mucho más impredecibles sus efectos a largo plazo. Además, el control local puede generar una serie de efectos colaterales impredecibles a escala global. Podemos insistir en la lógica del control, pero estamos dispuestos a asumir los riesgos?, a pagar el precio?

La realidad misma es indefinible como tal, es el hecho primario impredecible sobre el cual podemos, sin embargo, definir algunos grados de certeza a escala de lo local. En el trajín cotidiano por mantener la vida, las restricciones y limitaciones impuestas por nuestra naturaleza física obligan inevitablemente a mantener el ciclo de lo definido como energía, recursos materiales e información. La objetivación del mundo le ha brindado al hombre un modo de procurarse los materiales y la energía para su transformación por medio del trabajo que garantiza, a corto plazo, su supervivencia. El esfuerzo por asegurar la continuidad del flujo de energía y materiales llevó a la cada vez más severa fragmentación y definición de un marco de realidad susceptible de intervención a una escala intensiva. La necesaria división del trabajo produjo la profesionalización de los saberes, con un aumento en el conocimiento fáctico, racionalizable y útil, que se pagó al costo de una pérdida comparable de la capacidad de integración.

Las disciplinas, al crear y especificar su lenguaje, conceptos, axiomas, teoremas y sistemas de clasificación, se constituyeron en registros de información cerrándose sobre ellas mismas y perdiéndose en consecuencia la posibilidad de interactuar entre ellas. El conocimiento establecido es comparable a los registros digitalizados que, por medio de un seguimiento estricto de sus reglas sintácticas y procedimientos de trabajo, permiten la acumu-

lación y estructuración de un saber entendido como ciencia normal en el sentido de Kuhn.

Pero en las grandes transformaciones de los saberes, o revoluciones científicas, se desdibujan las líneas de separación entre ellos, se redefinen reglas de sintaxis, se proponen nuevos patrones de clasificación, se generan nuevos códigos que pasan por encima de las barreras disciplinarias. La transdisciplinariedad es equiparable a los registros analógicos que logran establecer conexiones sin respetar barreras, dando lugar a asociaciones imprevisibles anteriormente. La analogía saca un planteamiento del esquema restrictivo de su connotación original, permitiendo su aplicación a terrenos ajenos al campo de su disciplina. Una vez que se acepta la metáfora o la analogía, ésta se convierte en parte de los presupuestos del sistema de conocimiento, facilitando la acumulación y formalización de este saber. Pero el proceso de generación, elección y descubrimiento de la analogía apropiada pertenece al terreno de lo vago e informalizable en términos de lógica formal demostrativa. Es un acto generativo primario que surge como consecuencia de la tendencia a generar códigos y registros de información que den cuenta de la experiencia vivida. La transdisciplina es en consecuencia el espacio o momento generativo de nuevas disciplinas.

En el presente, cuando muchos saberes cuestionan sus presupuestos y fundamentos, el punto de vista particular de cada disciplina, en la medida en que se parcializa y absolutiza, no sólo se convierte en una equivocación, sino que su implementación se vuelve peligrosa, si no intenta resolver los conflictos que se producen con otro tipo de planteamientos. En épocas de crisis es indispensable tomar prestado el enfoque de los otros para complementar, enriquecer y cuestionar el propio; crear una densa red de interacciones conceptuales entre diferentes sujetos de la actividad investigativa para participar activamente en la construcción de una nueva realidad. Los registros producidos en las instancias sectorizadas permitirán la emergencia de un nivel de integración superior. Una constante actividad transdisciplinaria permitirá hacernos recordar que los enfoques mecanicistas son necesarios, pero no por ello exentos de limitaciones y prejuicios. El conocimiento científico, por útil que pueda parecer, no es sino un mapa para orientarnos en un territorio desconocido que sobrepasa lo imaginable.

Esta propuesta va más allá de la interdisciplinariedad, puesto que mirar un evento por múltiples observadores formados en diferentes disciplinas especializadas no garantiza per se la elaboración de una integración, sobre todo si cada observador sigue considerando su punto de vista como el prioritario. La transdisciplinariedad es más que la suma de los enfoques propios de cada disciplina, y pone en evidencia la dimensión social del conocimiento en un

mundo donde cada vez es más intrincada la red de flujos de información. Se trata de que cada observador sea capaz de transmitir su percepción, a la vez que modifica y ajusta la propia de acuerdo con la experiencia perceptiva de los otros. Los esfuerzos transdisciplinarios deben contribuir a generar objetos teóricos que no son propiedad exclusiva de ninguna disciplina. La transdisciplinarietà es consecuencia del hecho de que los sujetos cognoscentes, es decir, los actores principales de la actividad científica, han sobrepasado los niveles individuales y de los propios grupos de investigación. Su mirada debe contribuir a generar y desarrollar un metalenguaje que permita la aparición de un nivel de exploración y discriminación antes inédito. De este modo, cada observador en su actividad y a través de la comunicación contribuye a crear un nivel de descripción e integración de la realidad como objeto conceptual en permanente construcción social y cultural.

El uso de metáforas está en el corazón del desarrollo científico [212, 213, 214]. No hay manera de evadir el hecho que las teorías científicas son expresiones lingüísticas y por tanto están limitadas por las complicaciones del lenguaje. Condenar la utilización de metáforas en la ciencia es desconocer su historia y además tendría un efecto nefasto sobre la producción de nuevos conocimientos. Esto no quiere decir, por supuesto, que el uso de las metáforas esté exento de problemas. Al usar las metáforas se debe tener la precaución de esclarecer las implicaciones teóricas que trae el uso del concepto fuera del marco de referencia establecido.

Durante los últimos siglos la metáfora dominante en la tradición mecanicista ha sido la de la naturaleza como máquina. Este punto de vista ha evolucionado paralelamente al desarrollo tecnológico; de modo que la visión de la naturaleza como un mecanismo de relojería fue sustituida por la de la imagen de la máquina de vapor, posteriormente por la metáfora de la máquina cibernéticamente auto-controlada y hoy en día por la computadora [158].

La propuesta de concebir la naturaleza como un sistema semiótico busca abandonar definitivamente las metáforas con cualquier tipo de máquinas. Además, dado que los sistemas vivos suponen diferentes niveles y tipos de codificación, cualquier metáfora que tienda a reducirla a representaciones digitales es insuficiente. Las computadoras desempeñan el papel de procesadores de códigos digitales que al carecer de una instancia analógica requieren indefectiblemente del control humano. No son autopoyéticos. Igualmente, limitarnos a la idea de la naturaleza como organismo también es insuficiente, por cuanto reconoce únicamente la instancia analógica dejando de lado la digital que contiene el registro histórico [158]. En la actualidad, al tomar en cuenta las descripciones contradictorias de cada disciplina, se reivindica la

experiencia inmediata y localizada de cada saber, lo cual permite recuperar la validez de estas experiencias en la formación de una imagen universal. Universal aunque no exenta de incoherencias.

Los obstáculos que se erigieron contra el vitalismo se debilitan con la incorporación de las dos metáforas más poderosas que han definido el curso de la biología en el último siglo: la selección y la información. La metáfora de la “selección” propuesta por Darwin derivó en selección sin agente selector; e igual destino tuvo la “información” propuesta en la formulación del dogma central, que se convirtió en información sin agente procesador de la misma. Sin embargo, ambas metáforas asumidas plenamente hablan de un sujeto tácito actuante en estos procesos, y solamente con la aceptación del acto de observación como un proceso de naturaleza física, podemos ir allanando el camino hacia la interpretación de una naturaleza, que a diferentes escalas ha generado sus propios agentes descriptores; desde la molécula al hombre, pasando por las células, los microorganismos y los diversos tipos de organismos. Ambas metáforas (selección e información) apuntan a un tipo de actividad subjetiva ejercida desde adentro, y que permite inferir el terreno común que da lugar a las causas eficientes y finales. Estos dos tipos de causalidad aparecen como consecuencia del movimiento y dinámica de esa acción subjetiva, que hace que los flujos de energía y las fluctuaciones azarosas se concreten, generando un registro temporalmente consistente y una mayor indefinición que debe ser resuelta en ulteriores y permanentes redescrpciones.

Insistir en la visión mecanicista sigue siendo fructífero y es inevitable en cierto modo. No obstante, siempre estaremos asediados por el espectro del vitalismo. La única manera de conjurarlo será extendiendo a la naturaleza dos características que se creían exclusivas de la vida:

1. La capacidad de crear y procesar información, y
2. La actividad de reconocimiento que da lugar a la selección.

Las metáforas propuestas como demonios de Maxwell, autoorganización, codificación, observadores internos, complejidad, registros comprimidos, flexibilidad semiótica, inteligencia natural, selección como potencia activa, parecen acercarnos a una ontología y no constituyen formulaciones exclusivamente epistemológicas. Por esta razón en el proceso de construcción y elaboración de estas metáforas se están incubando promisorias construcciones teóricas, paradigmas e hipótesis de trabajo.

Las analogías no reemplazan ni pretenden sustituir el contenido empírico de las propuestas teóricas. Las analogías son una vía de generación de

hipótesis, pero no se constituyen automáticamente en los árbitros que deciden los procesos de validación o refutación. En este momento se trata de generar analogías que sirvan para hacer explícitas pautas unificadoras, procesos comunes o isomorfismos en los patrones de interacción. En este sentido la metáfora de la vida como proceso semiótico ejecutado por unidades de experiencia tipo demonios de Maxwell, parece erigirse como la más apropiada. Cualquier tipo de metáfora será expresión de nuestros sistemas de representación de la realidad, y por tanto, su vigencia es temporal y limitada a contextos culturales y sociales, aunque dotada de un potencial creativo suficiente que permita contribuir al proceso siempre inacabado de generación de un conocimiento universal.

Hoy en día la transdisciplinariedad es un espacio imprescindible en la búsqueda de salidas a la crisis actual que, modelando un nuevo esquema organizador de la percepción, puede llevar a la interiorización de valores y actitudes que permitan definir nuevos modos de interacción entre nosotros mismos, y entre nosotros y nuestro entorno. Es la única alternativa que le queda a quienes desean transitar el camino labrado por la ciencia oficial y especializada del presente. Es la única vía de supervivencia y vigencia del mejor legado de la ciencia, pues, aunque parezca paradójico, el mayor aporte que la ciencia puede dar a la humanidad es el de contribuir, a pesar de la fragmentación del saber que ha generado, a crear una visión integradora de nosotros mismos en el contexto de un mundo en cambio permanente.

Apéndice A

Teoría de la codificación

A.1. Códigos

Supongamos que tenemos una fuente A compuesta por letras de un alfabeto A en un espacio de probabilidad P_a , y un receptor B compuesto por letras de un alfabeto B en un espacio de probabilidad P_b . El espacio de probabilidad se define por la probabilidad asignada a cada uno de los eventos elementales que pertenecen al conjunto correspondiente. Si queremos levantar el mapa de las letras de A en las letras de B para visualizar las correspondencias entre ambos espacios de probabilidad, necesitamos un código o regla que nos permita transformar cada elemento de A en su correspondiente de B . Cuando los alfabetos A y B son biyectivos se dice que son isomórficos, es decir, que se puede establecer una correspondencia uno a uno de un alfabeto a otro. En el caso de códigos que pueden tolerar algún grado de error, la fuente y el receptor no son isomórficos.

Dado un espacio de probabilidad que tiene como elementos letras de un alfabeto A , se denominan extensiones de primer, segundo, tercer, etc. orden a las potencias enteras del espacio de probabilidad A . Los elementos de estas extensiones son las letras del alfabeto A , las dupletas, las tripletas, etc.

A.2. Propiedades de los códigos instantáneos

Existen códigos que tienen palabras de diferente longitud, como por ejemplo el Morse. Por el contrario, el código genético corresponde a la clase de códigos en que todas las palabras (codones) tienen el mismo número de letras. Esta clase de códigos poseen algunas propiedades interesantes.

Uno de los problemas de la teoría de la codificación consiste en la búsqueda

da de modos eficientes para representar símbolos $(S_1, S_2, S_3, \dots, S_k, \dots)$ generados por la fuente, con sus respectivas probabilidades $(P_1, P_2, P_3, \dots, P_k, \dots)$, en términos de otro alfabeto conformado por otros símbolos $(0,1)$, con el objetivo de lograr su almacenamiento y transmisión. La eficiencia en la codificación está dada por la longitud promedio (número de símbolos binarios) del mensaje codificado. El mensaje codificado debe ser decodificable sin ambigüedad. Es decir, la serie de “0”s y “1”s que conforman el mensaje debe corresponder a una única serie en los símbolos de la fuente. Para evitar la ambigüedad en la decodificación se emplea una codificación libre de prefijos o instantánea. En un código instantáneo ninguna palabra puede ser prefijo de otra. Por ejemplo, la codificación: $S_1 \rightarrow 0, S_2 \rightarrow 1, S_3 \rightarrow 00, S_4 \rightarrow 11$ no es decodificable sin ambigüedad, dado que el mensaje 00111 se puede decodificar en más de una manera. Por el contrario, usando el código: $S_1 \rightarrow 0, S_2 \rightarrow 01, S_3 \rightarrow 011, S_4 \rightarrow 111$ la decodificación no presenta ambigüedad, pero no es instantánea. El mensaje 00111 solamente se decodifica en S_1, S_1, S_4 , pero debe ser recibido en su totalidad para que no haya ambigüedad. Un código instantáneo se puede decodificar a medida que se va transmitiendo, sin tener que ser recibido por completo.

Consideremos un sistema S como fuente de microestados individuales que desempeñan el papel de símbolos fuente. Estos microestados ocurren con una frecuencia proporcional a sus probabilidades p_k . La codificación más eficiente minimizará la longitud promedio de los programas (K) que pueden ser usados para registrar los microestados individuales: $(K)_s = \sum p_k \cdot (K_s)$.

Un programa autodelimitante lleva información sobre su tamaño, de modo que ejecuta la computación sin necesidad de símbolos adicionales; en este sentido es instantáneo. La ventaja de los códigos autodelimitantes se deriva de la relación entre sus tamaños y las probabilidades de que sean generados por un proceso aleatorio. La probabilidad de que un programa específico de longitud “ l ” sea generado es 2^{-l} . Esto implica que el tamaño de los programas autodelimitantes y la longitud de las palabras codificadas están restringidos por la desigualdad de Kraft.

Sea S el código instantáneo compuesto de q símbolos S_i con codones organizados de acuerdo con su longitud $l_1 = l - 2 = l_3 = \dots = l_n$, donde r es el número de símbolos en el alfabeto fuente. En el caso del código genético $r = 4, q = 64$. Para que la decodificación se de libre de ambigüedad, debe cumplirse: $\sum 2^{-l} \leq 1$.

De esta expresión se deduce que la entropía es el límite inferior de la longitud promedio de las palabras para cualquier código instantáneo. Siempre que el tamaño de las palabras satisface esta desigualdad, existe un código instantáneo S con palabras de tamaño l_i . En el caso que nos interesa, la

codificación de Shannon-Fano es una implementación específica y eficiente que satisface la desigualdad de Kraft.

Un código es “óptimo” cuando es “decodificable instantáneamente” y las palabras codantes tienen una longitud mínima promedio. La desigualdad de Kraft es condición necesaria y suficiente para la existencia de un código instantáneo.

$$K = \sum_i \frac{1}{r^{l_i}} \leq 1$$

La longitud de las palabras se escoge de modo que:

$$l_k = \|S_k\| = \lceil -\log_2 p_k \rceil,$$

donde $\lceil a \rceil$ se define como el número natural más pequeño igual o mayor que a . La longitud l_k de la palabra S_k está delimitada por arriba y abajo:

$$-\log_2 p_k \leq S_k \leq \log_2 p_k + 1.$$

El límite inferior en el tamaño promedio del mensaje se deriva directamente de la desigualdad de Kraft y el superior de acuerdo con la estrategia específica de codificación.

$$-\sum p_k \log_2 p_k \leq \sum p_i l_k \leq \sum p_k \log_2 p_k + 1$$

La longitud promedio de los mensajes de los códigos instantáneos puede estar muy cerca de la entropía de la fuente. La codificación de Shannon-Fano se puede ilustrar con ayuda de un árbol lexicográfico que permite establecer una correspondencia entre estados S_k y secuencias de “0” y “1”. Una codificación instantánea y eficiente de los estados S_k con probabilidades $p(S)$ se representa por medio de un árbol en un sistema de coordenadas, en el cual el eje vertical corresponde a la probabilidad acumulada y el horizontal al nivel del árbol o número de ramificaciones. Se establece una correspondencia entre cada secuencia binaria de longitud l y una sección de 2^{-l} del intervalo (0,1) (véase figura A.1).

Para la determinación de la palabra código correspondiente al estado S , se presentan los estados en orden de probabilidad decreciente $p(S_1) \geq p(S_2) \geq p(S_3) \geq \dots$. La palabra que codifica al estado S_k con probabilidad $p(S_k)$ se toma del nivel l_k del árbol, donde $l_k = \lceil \log_2 [1/p(S_k)] \rceil$.

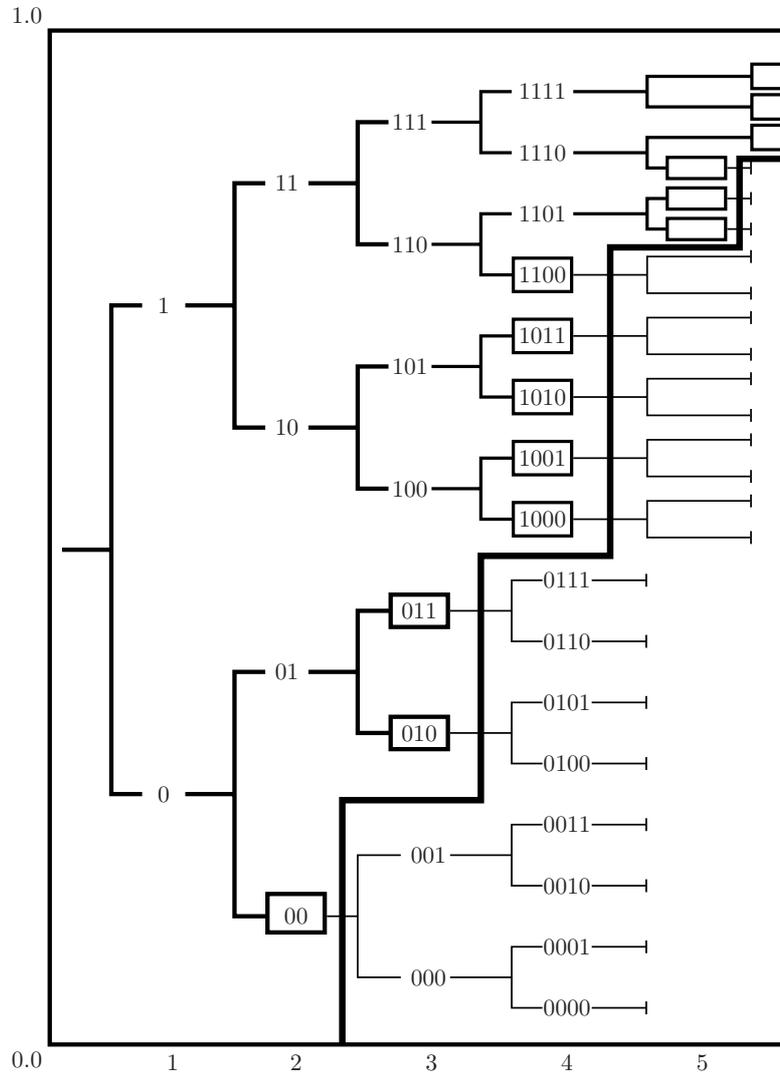


FIGURA A.1. Árbol lexicográfico de codificación instantánea y eficiente de los estados S_i con probabilidades $p(S_i)$. El eje vertical corresponde a la probabilidad acumulada y el horizontal con el nivel del árbol. Hay 2^l ramas en el nivel l , de este modo se establece una correspondencia de la serie binaria y el intervalo $[0, 1]$. Para la determinación del código correspondiente al estado S se organizan todos los estados en orden de probabilidad decreciente, de manera que a los elementos más frecuentes corresponden los códigos más breves. La secuencia de dígitos asignada a S_k corresponde a la primera rama disponible en el nivel l_k del árbol [60].

La secuencia de dígitos asignada a S_k corresponde a la primera rama disponible en el nivel I_k . Si una cierta secuencia de dígitos se escoge como palabra, la correspondiente rama de sus descendientes se elimina para satisfacer la ausencia de prefijos. Por tanto, siempre quedarán ramas sin asignar, las cuales están disponibles para codificar los estados que tienen las probabilidades más bajas.

A.3. Códigos detectores y correctores de error

Si en la transmisión del mensaje de A a B se interpone un proceso aleatorio que actúa sobre el mensaje original intercambiando las letras, podría hacerse imposible la identificación del mensaje original. Este proceso se conoce en biología molecular como mutación o “ruido” genético. Si el intercambio de letras se hace con igual probabilidad, este proceso estocástico se denomina “ruido blanco”. Los errores en la transmisión de datos son, por lo general, intolerables.

Veamos a continuación cómo los códigos de bloques, que utilizan una extensión de orden n a partir de las letras del alfabeto, pueden usarse para construir códigos correctores y detectores de error. Si el alfabeto A compuesto de q símbolos tiene una extensión a la potencia n , se obtienen q^n palabras, de las cuales q^k ($k < n$) representan un subconjunto usado por la fuente para enviar mensajes al receptor. Supongamos que el alfabeto original A es binario ($q = 2$) y se utiliza una extensión de quinto orden, de modo que cada una de las 32 palabras posibles se componen de 5 dígitos. Si el alfabeto B receptor es cuaternario W, X, Y, Z . Entonces tenemos que de los 32 palabras originales, al menos 4 deben emplearse para levantar el mapa en el alfabeto B .

Asumamos que el código tiene asignadas las palabras con sentido de acuerdo a las siguientes reglas: $11000 = W$, $00110 = X$, $10011 = Y$, $01101 = Z$. De este modo, un receptor solamente decodificará las palabras con sentido del alfabeto A y por tanto las 28 palabras restantes carecen de sentido. No obstante, un receptor con un sistema de decodificación más elaborado podría ser capaz de descodificar todas las palabras en la columna respectiva, teniendo en cuenta la asignación de sinónimos, sin que por eso se caiga en la ambigüedad.

Palabras asignadas con una distancia de Hamming = 1.

$$\begin{aligned} 11001, 11010, 11100, 10000, 01000 &= W \\ 00111, 00100, 00010, 01110, 10110 &= X \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} 10010, 10001, 10111, 11011, 00011 &= Y \\ 01100, 01111, 01001, 00101, 11101 &= Z \end{aligned}$$

Palabras asignadas con una distancia de Hamming = 2

$$\begin{aligned} 11110, 01010 &= W, \\ 00000, 10100 &= X, \\ 01011, 11111 &= Y, \\ 10101, 00001 &= Z \end{aligned}$$

Los mutantes originales que no varían en más de dos posiciones pueden asignarse sin ambigüedad. En el punto de recepción es indecible cuál de las palabras originales fue emitida. Sin embargo, si no se guarda una memoria de las palabras con sentido originales, se puede obtener una medida del ruido y hacer una decodificación correcta, en caso de que el ruido no sea muy grande. En este ejemplo, el decodificador pudo haberse diseñado para escoger una segunda extensión del alfabeto cuaternario para incluir $\{WW, WX, WY, WZ, XW, XX, XY, XZ, YW, YX, YY, YZ, ZW, ZX, ZY, ZZ\}$, lo cual habría requerido 16 asignaciones originales, y al final solamente habría dos palabras por cada uno. El costo de este tipo de asignación es una mayor vulnerabilidad al ruido blanco. En el límite, a cada una de las 32 palabras se les puede asignar un sentido; en este caso, el conjunto de palabras transmitidas sería decible por el receptor, pero no habría ningún tipo de protección contra el ruido. Si se requiriera la asignación de 32 palabras con sentido, el diseñador debería buscar extensiones hasta de 6 ó 7 para poder producir un código que amortigüe los errores.

Si todas las palabras en la fuente están mapeadas en el alfabeto del receptor, se dice que el código está saturado. Por ejemplo, el código $\{DNA \Leftrightarrow mRNA\}$ está saturado y no tiene protección de error, y el código $\{mRNA \Rightarrow proteína\}$ no está saturado (a excepción de los codones de terminación) y tiene protección. En el ejemplo anterior, las palabras fuente que no fueron originalmente asignadas, al final se asignaron en igual número. Sin embargo, una manera de hacer un código más seguro contra el ruido es por medio de una asignación que permita distribuir las palabras fuente de acuerdo con la frecuencia de sus correspondientes en el alfabeto receptor. Los codones mejor protegidos son Leucina y Arginina, y el menos protegido Triptofano que tiene dos transiciones hacia terminación, ver tabla 3.1.

Muchos autores sostienen que el código genético está organizado de modo que minimiza los efectos del ruido genético. King y Jukes [83] plantearon

que la redundancia codónica del código genético corresponde a la frecuencia de los aminoácidos en las proteínas. Posteriormente, descubrieron que la frecuencia de aminoácidos encontrada difería en la mayoría de los casos con respecto de la predicha de acuerdo con el número de codones asignados. Sin embargo, la hipótesis de que el código fue seleccionado muy temprano en su evolución por corrección de errores, es altamente plausible. El código genético es óptimo para los 20 aminoácidos asignados y no podría mejorar sin una extensión a codones de cuatro letras [215]. El hecho de que para 18 aminoácidos haya más de un codón, confiere al código una adecuada capacidad correctora.

A.4. Teorema de Shannon: “Capacidad del canal”

Aunque el sistema genético es sorprendentemente exacto, el ruido genético es responsable de la traducción incorrecta de algunos codones. Para eliminar errores requerimos una serie de repeticiones en la transmisión del mensaje. Si los errores se producen por un proceso estocástico, aparecen dispersos en el genoma y probablemente no ocurran reiteradamente en el mismo lugar. Si se usa un alfabeto binario y se hacen tres transmisiones, es posible determinar la letra correcta, pues la posibilidad de dos errores en la misma posición en las tres secuencias es muy reducida. Para un canal con ruido, existe un código entre el alfabeto A y B , que le permite al sistema de comunicación transmitir información, tan cercana a la capacidad del canal como uno quiera, con una tasa de error arbitrariamente pequeña. Esto se hace al costo de incorporar redundancia en el mensaje original, por medio de un código corrector de errores. La medida de redundancia es $R = 1 - I/I_o$, donde I es la cantidad de información por letra del texto en un lenguaje de estructura conocida, y I_o la cantidad de información por letra, asumiendo que todas tienen igual probabilidad de aparecer. Esta fórmula es isomórfica a la utilizada por Landsberg para describir el orden, $Q = 1 - (S/S_{\text{máx}})$ [50].

A.5. La entropía condicional como medida del ruido genético

Shannon afirma que la medida del ruido sirve para calcular la cantidad de información que puede transmitirse a través de un canal con ruido. Supongamos que hay dos símbolos posibles, “0” y “1”, y que transmitimos a una tasa de 1.000 símbolos por segundo con probabilidades $P(0) = P(1) = 1/2$.

Durante la transmisión, el ruido introduce errores de modo que, en promedio, un símbolo en 100 se recibe incorrectamente (“0” como “1” y “1” como “0”). ¿Cuál es la tasa de transmisión de información? Ciertamente menor que 1.000 bits por segundo, puesto que el 1 % de los símbolos recibidos son incorrectos. Aparentemente, la tasa debe ser 990 bits por segundo, obtenida por sustracción del número de errores. Sin embargo, este cálculo es insatisfactorio, porque no tiene en cuenta la ignorancia del receptor acerca de dónde están los errores.

Cuando el ruido es muy grande, los símbolos recibidos son completamente independientes de los transmitidos. La probabilidad de recibir un “1” es $1/2$, independientemente de qué símbolo fue transmitido y equivalente para “0”; es decir, la mitad de los símbolos serán correctos por azar, y por tanto hay que darle crédito al sistema por la transmisión de 500 bits por segundo, lo que equivale a afirmar que se obtendría igual información en la ausencia de canal, lanzando una moneda en el punto de recepción. Evidentemente, la corrección apropiada para aplicar a la cantidad de información transmitida es la que corresponde a la cantidad de información que falta en la señal recibida, o alternativamente, la incertidumbre, cuando se recibe una señal, sobre lo que realmente fue enviado. Considerando la entropía como medida de incertidumbre, es razonable usar la entropía condicional del mensaje, conociendo la señal recibida, como una medida de la información faltante. La entropía condicional $H(x|y)$ se denomina equivocación y mide la ambigüedad promedio de la señal recibida.

Por consiguiente, la tasa real de transmisión R se obtiene sustrayendo de la tasa de producción (la tasa de todos los eventos en la fuente) la tasa de entropía condicional promedio (los eventos en el receptor): $R = H(x) - H(x|y)$. R es la medida de información mutua de las dos secuencias. En el ejemplo anterior, si se recibe “0”, la probabilidad a posteriori de que “0” fuera transmitido es 0.99, y de que “1” lo fuera es 0.01.

Entonces, $H(x|y) = -(0,99 \log_2 0,99 + 0,01 \log_2 0,01) = 0,081$ bits por símbolo, o 81 bits por 1.000 símbolos, transmitidos a una tasa de 919 bits por segundo. En el caso extremo donde al transmitir un “0”, las probabilidades de recibir “0” o “1” son iguales, y equivalentes para la transmisión de un “1”, las probabilidades a posteriori son $1/2$.

$H(x|y) = -(1/2 \log_2 1/2 + 1/2 \log_2 1/2) = 1$ bit por símbolo o 1.000 bits por segundo, de donde la tasa de transmisión es cero !.

Esta explicación muestra que las probabilidades de error no son una medida de la cantidad de información perdida por ruido y que, probablemente, la entropía condicional sea la medida apropiada. La entropía mutua define la relación entre la entrada y salida del canal de acuerdo con la ecuación

$R = I(A; B) = H(x) - H(x|y)$, donde $H(x|y)$ es la entropía condicional de x una vez que se ha recibido y . La entropía mutua $I(A; B)$ es cero, si y sólo si las secuencias en el alfabeto A y en el B son independientes. Si las secuencias en el alfabeto A y en el B son idénticas, entonces $H(x|y) = 0$. Por tanto los valores $I(A; B)$ están entre 0 y $H(x)$.

La entropía mutua es una medida de la similaridad. La capacidad del canal es el valor finito máximo que puede alcanzar $I(A; B)$. De acuerdo con Shannon no existe un código que se pueda utilizar para transmitir información a una tasa mayor que la de la capacidad del canal.

Apéndice B

Entropía Física de Zurek [60]

B.1. Relación entre la entropía algorítmica y la estadística

Para poder formular la segunda ley desde el punto de vista de un observador interno, hay que tener en cuenta tanto la ignorancia remanente como la aleatoriedad de los datos recolectados. Para tal efecto, Zurek definió la entropía física como la suma de la entropía de Boltzmann-Shannon y la algorítmica de Chaitin.

$$S(\text{Entropía física}) = H(\text{ignorancia remanente}) + K(\text{aleatoriedad algorítmica}).$$

En este caso, el observador sería un tipo de demonio de Maxwell o sistema colector y usuario de la información (IGUS en inglés). H corresponde a la ignorancia en el observador que decrece a medida que ejecuta mediciones. K equivale a la longitud del registro que codifica los microestados detectados a consecuencia de las mediciones ejecutadas, y por esta razón aumenta. La suma de las dos magnitudes corresponde a la entropía física o cantidad de trabajo que puede ser extraída por un demonio de Maxwell.

Zurek demuestra que es correcto sumar estas dos magnitudes, es decir que las medidas de probabilidad son convertibles a medidas de complejidad algorítmica y viceversa, puesto que la entropía algorítmica corresponde aproximadamente a la entropía de Shannon para sistemas termodinámicos determinados por restricciones macroscópicas y con probabilidades que pueden ser descritas como funciones computables a partir de los microestados.

Para que los programas mínimos puedan calificar como medidas de aleatoriedad libres de ambigüedad, deben llevar información acerca de su tamaño, de modo que permitan al computador decidir cuándo debe parar la

lectura de los datos de entrada. Estos programas deben carecer de prefijos y de marcadores de terminación, y se conocen como códigos instantáneos. El uso de códigos autolimitantes permite formular la teoría algorítmica de la información de un modo análogo a la teoría de información de Shannon. En el caso de los programas mínimos autolimitantes dados como series binarias, existe la posibilidad de asociar el contenido algorítmico de información con la probabilidad de ser generados al azar. Esta conexión, entre la probabilidad de que una secuencia de símbolos sea generada al azar y el contenido algorítmico de información, se utiliza para probar que la aleatoriedad promedio de un microestado determinado es casi idéntica a la entropía de Boltzmann.

Además hay que estar en capacidad de obtener la entropía algorítmica conjunta para dos series de símbolos s y t , que describen distintos microestados. Esta se define como el tamaño del programa autolimitante mínimo que permite su cálculo por medio de una máquina universal de Turing.

En este caso se satisfacen la desigualdad : $K(s, t) \leq K(s) + K(t) + O(1)$.

El costo a pagar para obtener la entropía conjunta aparece en la forma de una corrección del valor estimado, puesto que el programa autolimitante que describe s debe poseer información adicional acerca de su tamaño o del número de dígitos. Para codificar esta información se requiere:

$$\log_2 \|S\| \text{ bits} \cdot K(s) \cong \|S\| + K(\|S\|) + O(1).$$

Igualmente, para programas autolimitantes la entropía condicional de la serie s dado t , $K(s|t)$, o el tamaño del programa necesario para calcular s a partir de t se debe modificar. Este valor se conecta con la información conjunta por medio de la ecuación $K(s, t) = K(t) + K(s|t, K(t)) + O(1)$.

Esta fórmula difiere de la de Shannon puesto que la información condicional satisface: $K(s, t) = K(t) + K(s|t)$

La cantidad de información mutua es una medida de la independencia entre dos series de símbolos e indica cuantos bits más de información se necesitan para calcular s y t por separado y no en conjunto. Los pares de series que tienen una cantidad de información mutua igual a cero son algorítmicamente independientes.

$$K(s : t) = K(s) + K(t) - K(s, t)$$

La distancia algorítmica entre dos series de símbolos (la información que contienen pero no comparten) está dada por la suma de los contenidos de información condicional: $\Delta(s, t) = k(s|t) + k(t|s)$. La distancia también se

puede expresar como la diferencia del contenido de información conjunta y mutua. $\Delta(s, t) = k(s, t) - k(s : t)$, donde la información algorítmica mutua es: $k(s : t) = k(s, t) - (k(s) + k(t))$.

Una serie de símbolos con una baja densidad de “1”s distribuidos aleatoriamente se puede describir por un programa abreviado, siempre y cuando se codifiquen los tamaños de los intervalos consecutivos de “0”s. De modo que podemos pasar de “00000100001000100000000001001000000001” a algo así como “5-4-3-10-2-8”, utilizando una codificación adecuada. Esta estrategia conduce en el límite a un resultado de la entropía algorítmica igual a la de Shannon basado en la probabilidad de “0”s y “1”s.

Más aún, desde el punto de vista algorítmico se puede entender el concepto de entropía de Boltzmann. Consideremos un gas con N partículas y tratemos de describirlo por medio del programa más abreviado. Para describir los microestados se adopta la siguiente estrategia: 1) Dividir el volumen ocupado por las partículas en celdas pequeñas con respecto al tamaño de las partículas, de modo que la probabilidad de encontrar dos en la misma celda sea muy pequeña (véase figura 1.2). 2) Especificar qué celdas contienen partículas y cuáles no. El tamaño de la celda determina la resolución con que se describe el sistema. La aleatoriedad algorítmica del microestado está dada por la longitud del programa computacional más corto que reproduce este estado con la resolución requerida. La forma de reproducción es arbitraria, pero imaginemos que por medio de un graficador multidimensional de resolución discreta se gráfica el resultado de los cálculos realizados por una máquina universal de Turing. Un estado del sistema se considera reproducido si la máquina llena los pixels del espacio gráfico con “0”s para representar las celdas vacías y con “1”s para las ocupadas. Hay una distinción entre la imagen binaria de los microestados del gas y el programa que la genera. La imagen provee una descripción directa del estado del sistema, mientras que el programa que la genera contiene la misma información, pero en una forma diferente y más concisa. Generalmente hay varios programas que pueden generar la misma gráfica o la misma imagen binaria; la longitud del más corto define la aleatoriedad algorítmica del gas. Cuando las configuraciones del sistema son no azarosas, las partículas se ubican con cierta regularidad. Utilizando subrutinas, el tamaño del programa puede acortarse por medio del cálculo de las coordenadas. Lejos del equilibrio los registros se pueden comprimir porque aumenta la probabilidad de que se repitan ciertos microestados, a la vez que se pueden identificar microestados derivados de otros. De este modo se pueden abreviar los programas que generan gráficos de las configuraciones de Boltzmann menos aleatorias. La medida de aleatoriedad utilizada en esta aproximación no recurre a las probabilidades y

puede usarse para calcular la entropía de los estados microscópicos de un sistema dinámico.

B.2. Máquina de Szilard y el costo del borrado

La conexión entre el modelo matemático de un “ser inteligente” y la termodinámica se remonta a la discusión sobre si la máquina térmica de Szilard puede violar la segunda ley o no. La máquina emplea una molécula de gas en contacto con un baño calorífico a temperatura T para extraer trabajo ($T \ln 2$) por cada ciclo (véase figura 3.19). Según Szilard, la segunda ley sí podría violarse, a menos que el costo de las mediciones no sea menor que $K_B T$ por bit de información adquirida. Bennett demostró que el borrado de información en el aparato de medida (resetting), tiene un costo termodinámico que es responsable del cumplimiento de la segunda ley en la máquina de Szilard. En este caso el resultado puede describirse por 1 bit, de modo que la ganancia de trabajo útil en el curso de la expansión está dada por: $\Delta W_+ = K_B T \log 2[2V/V] = K_B T$.

La ganancia en trabajo útil se paga $\Delta(W-)$ con la energía necesaria para restablecer la parte ocupada de la memoria, poniéndola en blanco o en el estado “listo para medir”: $\Delta W_- = -K_B T$.

Por tanto, la ganancia en trabajo neto en el mejor de los casos es nula :

$$\Delta W = \Delta W_+ + \Delta W_- = 0.$$

Una manera de ejemplificar esta idea en un modelo más realista, sería considerando una secuencia de mediciones y posponiendo indefinidamente el borrado, lo que exigiría un demonio con un tamaño de memoria significativamente grande. Se podría utilizar la máquina de Szilard para extraer trabajo ($K_B T$) por ciclo hasta cuando haya cinta vacía. En este caso, la pretendida violación a la segunda ley es aparente puesto que la cinta vacía se puede considerar como un reservorio a 0 K de temperatura y entropía $S = 0$. En consecuencia, una máquina idealmente eficiente puede, de acuerdo con la segunda ley, alcanzar la eficiencia de $K_B T$ por ciclo. El costo de borrado no tiene que pagarse mientras haya cinta de memoria disponible. Sin embargo, por esta misma razón, el proceso no es cíclico, o sea que la memoria del demonio nunca se restablece a su estado inicial. Borrar el registro cuesta $K_B T$ por bit, y toda la ganancia aparente de trabajo se paga con el costo del borrado.

B.3. Compresibilidad de la información

El registro en la memoria del demonio puede escribirse como series de “0”s y “1”s, y surge automáticamente en una máquina de Szilard. El registro puede hacerse escribiendo “0”s o “1”s en la cinta según los compartimientos correspondientes estén vacíos o llenos. La ganancia en trabajo útil para la máquina de n compartimientos en contacto con una fuente de calor a temperatura T es:

$$\Delta W_+ = K_B T \log 2n.$$

Cada medición da lugar al llenado de la cinta con “0”s y “1”s. Por tanto el costo de borrado sería: $\Delta W_- = K_B T \cdot n$.

Se puede posponer indefinidamente el borrado, pero al final el costo del borrado compensa la ganancia en trabajo útil. Una máquina más eficiente requiere una codificación más económica que en vez de hacer un registro directo del contenido de los compartimientos, comprime el mensaje y solamente registra en la memoria la marca asignada al compartimiento ocupado. ¿Hasta cuánto se pueden comprimir los resultados de las mediciones? ¿Cuál es el límite a la compresibilidad?

La segunda ley podría violarse a menos que haya un límite a la compresibilidad que relaciona el tamaño promedio del registro ΔK , con la disminución en entropía estadística ΔH del sistema medido, por medio de la desigualdad $\Delta H \leq (\Delta K)$.

Cuando la ganancia en trabajo útil $\Delta W_+ = K_B T \Delta H$ excede el costo del borrado $\Delta W_- = -K_B T (\Delta K)$, se puede estimar la ganancia neta en trabajo útil por cada ciclo : $\Delta(W) = K_B T (\Delta H - (\Delta K))$. La segunda ley exige que $\Delta W \leq 0$, lo que nos remite a la desigualdad $\Delta H \leq (\Delta K)$, que afortunadamente se cumple. Esta desigualdad se deriva del teorema de la codificación de Shannon (“canal sin ruido”) que afirma que el tamaño promedio de las descripciones mínimas necesarias para describir sin ambigüedad los resultados de las mediciones no pueden ser más pequeñas que la entropía estadística de la fuente de información. En este sentido, la desigualdad de Kraft sería una consecuencia de la segunda ley.

B.4. El papel de las mediciones : de la ignorancia al desorden

Las mediciones disminuyen la ignorancia acerca de estados específicos del sistema, pero incrementan el tamaño del registro necesario para codificar

la información adquirida. Para un sistema en equilibrio, de acuerdo con el teorema de la codificación, hay un incremento del tamaño del registro aproximadamente igual al decrecimiento en la ignorancia. Para alcanzar la eficiencia óptima en la codificación $(\Delta K) = \Delta H$, el demonio puede asignar a los diferentes resultados símbolos con longitud K_i de acuerdo a la longitud de las palabras de modo que $l_k = \lceil -\log_2 p_k \rceil$, donde $\lceil a \rceil$ se define como el número natural más pequeño igual o mayor que a .

La condición dada por la desigualdad de Kraft se cumple. En consecuencia, existe una marcación decodificable sin ambigüedad con longitud de palabras dadas por:

$$l_k < \lceil -\log_2 p_k + 1 \rceil,$$

luego

$$\Delta K < \Delta H + 1.$$

La codificación que satisface esta desigualdad es altamente eficiente en cuanto permite obtener descripciones que exceden en no más de un (1) bit sobre el límite inferior de tamaños mínimos promedio.

El teorema de codificación de Shannon - Fano sugiere una estrategia de marcado casi óptima para un demonio que trata con un sistema desconocido: el demonio puede ejecutar muchas mediciones para estimar las probabilidades $p(K)$ a partir de las frecuencias de los diferentes resultados, y adoptar descripciones cortas para los resultados más frecuentes y descripciones más largas para los más raros. El demonio, enfrentado a un sistema en equilibrio, garantizará una efectividad casi óptima, puesto que perdería solamente $K_B T$ de trabajo útil correspondiente al bit extra. Sin embargo, el demonio no puede extraer trabajo útil puesto que el teorema de Shannon (codificación sin ruido) garantiza el cumplimiento de la segunda ley. Las mediciones son un medio que permite transformar incertidumbre estadística en aleatoriedad algorítmica. Para sistemas en equilibrio estas cantidades cambian de manera que la suma $S = H + K$ permanece constante. En conclusión, la cantidad de trabajo que puede extraer el demonio es : $\Delta W = K_B T(\Delta H + \Delta K) = K_B T \Delta S$.

Por tanto, desde el punto de vista de un observador interno (demonio) que evalúa su habilidad para trabajo neto útil, la cantidad S desempeña el papel de la entropía. La entropía física (S) no disminuye en el curso de las mediciones. Por supuesto que la ignorancia (H) disminuye, pero solamente a expensas de un aumento en el tamaño mínimo del registro. A lo largo de las mediciones efectuadas en el equilibrio $S = H + K$, es constante.

Por el contrario, para las mediciones efectuadas lejos del equilibrio, la entropía física sí disminuye, dado que la disminución de la ignorancia es mucho mayor que el incremento en el tamaño del registro. Sin embargo, no es necesario buscar programas mínimos; bastaría con que el programa esté suficientemente comprimido para que la ganancia en trabajo útil compense las deficiencias en la optimización del tamaño.

Bibliografía

- [1] Ulanowicz, R. E. *Aristotelean casualities in ecosystem development*. **57**, Oikos, p. 42-48, 1990.
- [2] Monod, J. *El azar y la necesidad*, Barcelona, Ed. Orbis, S.A., p. 13, 1970.
- [3] Kant, I. *Critique of Judgment*, traducido por J. H. Bernard, Nueva York, Hafner Press, p. 373/219-220, 1951.
- [4] Kolb, D. *Kant, Teleology and Evolution*, Synthese, **91**, p. 9-28, 1992.
- [5] Stewart I., *¿Juega Dios a los dados?*, Grijalbo Mondadori, Barcelona, p. 16. 1997.
- [6] Ito, K. y P. Y. Gunjii. *Self-organization towards criticality in the game of life*, BioSystems, **26**, p. 135-138, 1992
- [7] Schrödinger, E., *Ciencia y humanismo*, Barcelona, Tusquet Ed., primera edición, p. 20-21, 1951.
- [8] Bohm, D. *Wholeness and the Implicate Order*, Londres y Nueva York, Ark Papers, 1980.
- [9] Judson, H. F. *The Eighth Day of Creation*, Nueva York, Knopf, 1978.
- [10] Bohr, N. *Light and Life*, Nature, **131**, 421-423, 1933.
- [11] Andrade, L. E., *Lavoisier y química del S. XVIII*, Revista de la Academia Colombiana de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, **XVII**, **67**, p. 786, 1990.
- [12] Prigogine, I. e I. Stengers. *Order out of Chaos*, Toronto, Nueva York, Bantam Books, p. 79-86, 1984.

-
- [13] Venel, G. F. *Encyclopédie ou Dictionnaire raisonné des sciences, des arts et de métiers par une société des gens de lettres*, Chymie, D. Diderot et J. d'Álembert, París, p. 413, 1753.
- [14] Césarman E., *Hombre y entropía*, Ed. Pax, México, S. A., p. 53, 1974.
- [15] Senent, J. *Presentación de la filosofía zoológica de Lamarck*, Barcelona, Editorial Mateu, p. 13-14, 1971.
- [16] Canguilhem, G. *El conocimiento de la vida*, Barcelona, Editorial Anagrama, p. 95-115/80, 1976.
- [17] Bowler, P. J. *El Eclipse del Darwinismo*, Barcelona, Labor Universitaria, p.89, 1985.
- [18] Lewontin, R. y R. Levins *The Dialectical Biologist*, Cambridge, MA. Harvard University Press, 176-177, 1985.
- [19] Waddington, C.H. *Hacia una biología teórica*, Madrid, Alianza Editorial, S.A., p. 30-34, 1976.
- [20] Steele, J. *Somatic Selection and Adaptive Evolution, On the Inheritance of acquired Characters*, Chicago, IL. The University of Chicago Press, 1979.
- [21] Cairns, J., J. Overbaug y S. Miller *The Origin of Mutants*, Nature, **335**, p. 142-145, 1988.
- [22] Wesson, R. *Beyond Natural Selection*, Cambridge, Massachusetts, The MIT Press, p. 222-226, 1991.
- [23] Waddington, C.H. *La evolución de las adaptaciones*, Endeavour, p. 134-139, julio 1953.
- [24] Bateson, G. *Steps to an Ecology of Mind*, Northvale, Nueva Jersey, Londres, Jason Aronson Inc., p.354-355, 1987.
- [25] Andrade, L. E. *Holismo y reduccionismo en el desarrollo de la biología molecular*, Memorias Seminario Nacional, Academia Colombiana de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, p. 17-40, 1994.
- [26] Andrade, L. E. *Analogías entre las teorías de la materia, de la evolución biológica y la sociedad*, Memorias Seminario de ciencia teórica. Academia Colombiana de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Colección memorias, **8**, p. 104-106, 1996.

-
- [27] Morowitz, H. J. *Beginnings of Cellular Life: Metabolism Recapitulates Biogenesis*, Yale University Press, p. 69, 1992.
- [28] Cadena, L. A. *Selección y neutralidad. ¿Antagónicas?*, Innovación y ciencia, **IV**, **1**, p. 26-31, 1995.
- [29] Penrose, R. *The Emperor's New Mind*, Oxford University Press, p. 314, 1989.
- [30] Salthe, S. *Development and Evolution. Complexity and Change in Biology*, A Bradford Book, Cambridge, Massachusetts, Londres, Inglaterra, The MIT Press, p. 9 y 45, 1993.
- [31] Fisher, *The correlation between relatives on the supposition of Mendelian inheritance*, Transactions of the Royal Society of Edinburgh **52**, p. 399-433. 1918.
- [32] Fisher, R. A. *On the dominance ratio*. Proc. Roy. Soc. Edinburgh. **42**, p. 321-341, 1922.
- [33] Fisher, R. A., *The Genetical Theory of Natural Selection*, Clarendon Press, Oxford, England. Second revised edition (1958), New York Dover Publications Fisher, 1930.
- [34] Fisher, En: Depew, D. J. y B. Weber. (1996) *Darwinism Evolving: System Dynamics and the Genealogy of Natural Selection*. The MIT Press. Massachusetts Institute of Technology. Cambridge, Mass 02142, 1932.
- [35] Margulis, L. y D. Sagan, *What Is Life?*, Simon y Schuster, p. 44, 1995.
- [36] Gould, S. J. citado en John Brockman, *The Third Culture*, Simon y Schuster, p. 52, 1995.
- [37] Dawkins, R., citado en John Brockman, *The Third Culture*, Simon y Schudter, p. 84, 1995.
- [38] Maynard Smith, J. y E. Szathmáry, *The Major Transitions in Evolution*, W. H. Oxford University Press, p. 4-5, 2001.
- [39] Dobzhansky, T. *Studies in the Philosophy of Biology: Reduction and Related Problems*, Francisco J. Ayala y Theodosius Dobzhansky, eds., University of California Press, p. 311, 1974.

-
- [40] Wilson, E. O. *The Diversity of Life*, Harvard University Press, p. 187, 1992.
- [41] Eigen, M. y R. Winkler, *Laws of the game*, Nueva York. Alfred A. Knopf, p. 146-148, 1981.
- [42] Heimann, P.M. *Molecular Forces, Statical Representation and Maxwell Demon*, Studies on Hitory and Philosophy of Science, **1**, p. 189-211, 1970.
- [43] Maxwell, 1890. En: Depew, D.J. y B. Weber. (1996) *Darwinism Evolving: System Dynamics and the Genealogy of Natural Selection. The MIT Press*. Massachussets Institute of Technology. Cambridge, Mass 02142, 1890.
- [44] Brillouin, L. *Maxwell's demon cannot operate: Information and Entropy I*, Journal Applied Physics, **22**,334-337, 1951.
- [45] Bennet, C. *Demons, Engines and the Second Law*, Scientific American, **255**, **11**, 108-116, 1987
- [46] Daub, E.E. *Maxwell's demon*, Studies History and Philosophy of Science, **1**, 213-227, 1970
- [47] Maxwell, *Carta de Maxwell a Galton. Febrero 26 de 1879*, Citado en "Maxwell's papers at University College", London (1986), 1879.
- [48] Frautschi, S. *Entropy in an expanding universe*, Science, **217**, p. 593-599, 1982.
- [49] Brooks, D.R. y E.O. Wiley, *Evolution as Entropy*, The university of chicago Press, 2ª edición, p. 37-41, 1988.
- [50] Landsberg, P. T. *Is equilibrium always an entropy maximum?*, J. Statistical Physics, **35**, p. 159-169, 1984.
- [51] Layzer, D. *The arrow of time*, Scientific American, **233**, p. 56-69, 1988.
- [52] Wicken, J. A. *Thermodynamic Theory of Evolution*, Journal Theoretical Biology, **87**, p. 9-23, 1980.
- [53] Wiley, E.O y D.R. Brooks, *Victims of history, A non equilibrium approach to evolution*, Systematic Zoologist, **3**, **1**, p. 1-24, 1982.

-
- [54] Maturana, H. y F. Valera, *The Tree of Knowledge*, Boston y Londres, Shambala, p. 75-ss, 1992.
- [55] Riedl, R. *Biología del conocimiento. Los fundamentos filogenéticos de la razón*, Calabria, España, Editorial Labor, S.A., 1983.
- [56] Kolmogorov, A. N. *Logical basis for information theory and probability theory*, IEEE Transactions on Information Theory, **14**, p. 662-664, 1968.
- [57] Chaitin, G. J. *On the length of programs for computing finite binary sequences: Statical considerations*, Journal of the Association for Computing Machinery, **16**, p. 145-159, 1969.
- [58] Goel, N. S. y R. Thompson, *Organization of biological Systems*, International Review of Cytology, **103**, p. 60-88, 1986.
- [59] Chaitin, G. J. *A theory of program size formally identical to information Theory*, Journal of the Association for Computing Machinery, **22**, p. 329-340, 1975.
- [60] Zurek, W. H. *Algorithmic randomness and physical entropy*, Physical Review A., **40**, **8**, p. 4731-4751, 1989.
- [61] Zurek, W. H. *Algorithmic Information Content, Church-Turing Thesis, Physical Entropy, and Maxwell's Demon*, Complexity, Entropy, and the Physics of information, SFI Studies in the Science of Complexity, Ed. W.,H. Zurek, Addison-Weslwy, **VIII**, p. 73-89, 1990.
- [62] Olby, R. *An early reference of genetic coding*, Nature, p. 215, 556, 1967.
- [63] Buffon, G. L. L. *Histoire des Animaux*, **X**, Citado por G. Canguilhem, El Conocimiento de la Vida,, Ed. Anagrama, p. 63, 1976.
- [64] Jacob, F. *The Logic of Life. A history of heredity*, Traducción de B. E. Spillmann, Nueva York, Pantheon Books, p.279-280, 1982.
- [65] Albarracín, T. A. *La teoría celular*, Madrid, Alianza editorial, S.A., 1983.
- [66] Olby, R. *The path to the Double Helix*, Nueva York, Dover Publications, Inc., p. 145, 1994.

-
- [67] Troland, L. T. *Biological enigmas and the theory of enzyme action*, American Naturalist, **51**, p. 321-350, 1917.
- [68] Schoenheimer, R., *The Dynamic State of Body Constituents*, Cambridge Mass. 1942
- [69] Borsook, H. et al. Citado en P. N. Campbell, et al. *Biosynthesis of Proteins*, Nature, **171**, **4362**, p. 997, 1953.
- [70] Stent, G. S. *That was the Molecular Biology that was*, Science, **160**, p. 392, 1968.
- [71] Bonner, D. citado por R. Olby, 1994, *The path to the Double Helix*, Nueva York, Dove Publication, Inc., p. 148, 1946.
- [72] Campbell, P. N. *Biosynthesis of Proteins*, Nature, **171**, **4362**, p. 1000, 1953.
- [73] Schrödinger, E. *¿Qué es la vida?*, Tusquet editores, p. 94-98, 1944.
- [74] Crick, F. H. C. *On protein synthesis*, Symp. Soc. Exp. Biol., **12**, p. 138-163, 1958.
- [75] Lewin, B. *Genes IV*, Oxford University Press, p. 686, 1990.
- [76] Crick, F. H. C. *Central Dogma of Molecular Biology*, Nature, **227** p. 561-563, 1970.
- [77] Monod, J. *From Enzymatic Adaptation to Allosteric Transitions*, Science, **154**, 475-483, 1966.
- [78] Monod, J. et al. *La Biosynthese des Enzymes (Adaptation Enzymatique)*, Advances in Enzymology, **XIII**, 67-119, 1952.
- [79] Burnet, F. M. *The Clonal Selection Theory of Acquired Immunity*, Cambridge, Mass, 1959.
- [80] Jacob, F. et al. *Sur la Nature du Represseur Assurant L'Immunité des Bactéries Lysogenes*, Comptes Rendus Acad, Sci, **154**, 4214-4216, 1962.
- [81] Monod, J. et al. *Allosteric Proteins and Cellular Control Systems*, J. Molecular Biology, **6**, 306-329, 1963.
- [82] Grasse, P. P. *Evolución de lo viviente*, Ed. Hermann Blume, 1973.

-
- [83] King, J.L. y T.H. Jukes. *Non Darwinian Evolution*, Science, **164**, 788-798, 1969.
- [84] Polanyi, M. *Life irreducible structure*, Science, **160**, 1308-1313, 1968.
- [85] Wiener, N. *Cybernetics, or Control and Communication in the Animal and the Machine*, Nueva York, John Wiley and Sons, 1948.
- [86] Otsuka, J. y Nuzawa, Y., *Self-Reproducing System can Behave as Maxwell's Demon: Theoretical Illustration Under Prebiotic Conditions*, Journal Theoretical Biology, **194**, p. 205-221, 1998.
- [87] Patte, H.H. *The Limitations of Formal Models of Measurement, Control and Cognition*, Applied Mathematics and Computation, **56**, 115, 1993.
- [88] Matsuno, K. y Salthe, S. *Global Idealism/Local Materialism*, Biology and Philosophy, **10**, 309-337, 1995.
- [89] Chargaff, E. *Nucleic acids as carriers of biological information*, I.U.B. Symp. Ser., **1**, 297-302, 1959.
- [90] Commoner, B. *Failure of the Watson-Crick theory as a chemical explanation of inheritance*, Nature, **220**, 334-340, 1968.
- [91] Fleischmann, P. *The chemical basis of inheritance*, Nature, **225**, 30-32, 1970.
- [92] Eigen, M. *Steps towards Life*, Oxford University Press, p. 92, 1992.
- [93] Shannon, C. E. *A mathematical theory of communication*, Bell System Technical Journal, **27**, 379-423, 623-656, 1948.
- [94] Cech, T. R. y Bass, B. L. *Biological Catalysis by RNA*. Annual Review Biochemistry. **55** 599-629, 1982.
- [95] Szostak, J. W. *Evolution ex vivo*, Nature, **362**, 14 January, 1993.
- [96] Kruger, K. P. et al. *Self-splicing RNA: Autoexcision and Autocyclization of the Ribosomal RNA Intervening Sequence of Tetrahymena*, Cell, **31**, 147-157, 1982.
- [97] Piccirilli, J. et al. *Aminoacyl Esterase Activity of the Tetrahymena Ribozyme*, Science, **256**, 1420-1424, 1992.

- [98] Eigen, M., *Self-organization of matter and the evolution of biological macromolecules*. Naturwissenschaften, **58** 465-523, 1971.
- [99] Weiner, A. *Non Viral Retroposons: Genes, Pseudogenes and Transposable Elements Generated by Reverse Flow of Genetic Information*, Annual Review Biochemistry, **55**, 631-661, 1986.
- [100] Seidel, H.M. et al. *Exon as Microgenes?*, Science, **257**, 1489-1490, 1992.
- [101] Breathnach, R. et al. *Ovalbumin Gene is Split in Chicken DNA*, Nature, **270**, 314-319, 1977.
- [102] Gilbert, W. *Why Genes in Pieces?*, Nature, **271**, 501, 1978.
- [103] Donelson, J. E. *A comparison of trans-RNA splicing in Trypanosomes and Nematodes*, Parasitology Today, **6**, **10**, 327-334, 1990.
- [104] Gesteland, R.F. et al. *Recoding: Reprogrammed Genetic Decoding*, Science, **257**, 1640-1641, 1992.
- [105] Brenda, L. B. *Splicing the New Edition*, Nature, **352**, 283-284, 1991.
- [106] De Duve, C. *The Second Genetic Code*, Nature, **333**, 117-118, 1988.
- [107] Dover, G. *Molecular Drive in Multigene Families: How Biological Novelty Arise, Spread and are Assimilated*, Trends in Genetics, TIG, p. 159-164, 1986.
- [108] Stern, D., et al. *Mitochondrial and Chloroplast Genomes of Maize Have a 12- Kilobase DNA Sequence in Common*, Nature, **299**, p. 698-702, 1982.
- [109] Doolittle, R. F. et al. *A Naturally Occurring Gene Transfer from a Eukaryote to a Prokaryote*, J. Molecular Evolution, **31**, 383-388, 1990.
- [110] Britten, R. J. et al. *Repetitive and Non Repetitive DNA Sequences and Speculations on the Origin of Evolutionary Novelty*, Quant. Rev. Biol., **46**, 111-138, 1971.
- [111] De Robertis, *Homeobox Genes and the Vertebrate Body Plan*, Scientific American, **263**, **1**, 46-52, 1990.
- [112] Beardsley, T. *Smart Genes*, Scientific American, **265**, **2**, 86-95, 1991.

-
- [113] Ellis, R. J. *Molecular Chaperones*, Annual Review Biochemistry, **60**, 321-347, 1991.
- [114] Wills, P. R. *Scrapie, ribosomal proteins and biological information*, J. Theoretical Biology, **122**, 157-178, 1986.
- [115] Wills, P. R. *Induced frameshifting mechanism for the replication of an information-carrying scrapie prion*, Microbiol, Pathogenesis, **6**, 235-250, 1989.
- [116] Crick, F. H. C. *Central Dogma of Molecular Biology*, Nature, **227**, 561-563, 1970.
- [117] Prusiner, S. B. *Genetics of prions*, Annual Review of Genetics, **31**, 139-175, 1997.
- [118] Caughey, B.; Kocisko, D. A.; Raymond, G. J. y Lansbury, P. T. *Aggregates of scrapie-associated prion protein induce cell-free conversion of protease-sensitive prion protein to the protease resistant state*, Chem y Biol, **2**, 807-817, 1995.
- [119] Hoffmeyer, J. *Sings of Meaning in the Universe*, Bloomington, Indianapolis, Indiana University Press, p. 43-44, 1996.
- [120] Kauffman, S. *The Origins of Order. Self-Organization and Selection in Evolution*, Nueva York, Oxford, Oxford University Press, p. 287-356, 1993.
- [121] Wächterhäuser, G., *Before enzyme and templates: theory of surface metabolism*. Microbiological Review **52**, 452-484, 1988.
- [122] Patte, H. H. *Quantum Mechanics, Heredity and The Origin of Life*, Journal of Theoretical Biology, **17**, p. 416, 1967.
- [123] Kidwell, M. *Lateral Transfer in Natural Populations of Eukaryotes*, Annual Review of Genetics, **27**, 236-247, 1993.
- [124] Wächterhäuser, G. *Methodology and the origin of Life*, Journal of Theoretical Biology, **187,4**, 491, 1997.
- [125] Schimmel, P. y Henderson, B., *Possible role of aminoacyl-RNA complex in noncoded peptide synthesis and origin of coded synthesis*, Proc. Natl. Acad. Sci. (USA) **91**, p. 11283-11286, 1994.

-
- [126] Dick, T. P. y W. W. A. Schamel, *Molecular Evolution of t-RNA from Two Precursors Hairpin: Implications for the Origin of Protein Synthesis*, Journal Molecular Evolution, **41**, 1-9, 1995.
- [127] Di Giulio, M. *Was it an ancient gene codifying for a hairpin RNA that, by means of direct duplication, gave rise to the primitive tRNA molecule?*, Journal Theoretical Biology, **177**, 95-101, 1995.
- [128] Di Giulio, M. *On the Origin of the Genetic Code*, Journal Theoretical Biology, **18**, 573-581, 1997.
- [129] Trifonov, E. N. *The Multiples Codes of Nucleotides Sequences*, Bulletin of Mathematical Biology, **51**, 357-361, 1989.
- [130] Mantegna, R. N.; S. V. Buldyrev; A. L. Goldberger; S. Havlin; C. K. Peng; M. Simons y H. E. Stanley, *Linguistic Features of Noncoding DNA sequences*, Physical Review Letters, **73**, **23**, 3169-3172, 1994.
- [131] Eldredge, N. *Unfinished Synthesis. Biological Hierarchies and Modern Evolutionary Thought*, Oxford University Press, Nueva York, p. 175-215, 1985.
- [132] Fontana, W.; P. F. Bornberg-Bauer; E. G. Griesmacher; T. Hofacker; I. L. Tacker, M. Tarazona; E. D. Weinberger y P. Schuster, *RNA folding and combinatorial landscapes*, Physical Review E, **47**, 2083-2099, 1993.
- [133] Schuster, P., *Extended molecular evolutionary biology : artificial life bridging the gap between chemistry and biology. in Christopher Langton ed. Artificial Life*. The MIT Press. Cambridge, Mass. p. 48-56, 1997.
- [134] Perelson, A. S. y Oster, G. F. *Theoretical Studies of Clonal Selection: Minimal Antibody Repertoire Size and Reliability of Self-Nonself Discrimination*, Journal Theoretical Biology, **81**, 645, 1979.
- [135] Segel, L. A. y Perelson, A. S., *Computations in Shape- Space: A New Approach to Immune Network Theory*, En: A. S. Perelson Ed. *Theoretical Immunology II*, Santa Fe Institute Studies in The Sciences of Complexity, CA Addison Wesley, pp. 321-343, 1988.
- [136] Scott, J. K. y Smith, G. P. *Searching for peptide ligand with an epitome library*, Science, **249**, 386, 1990.

-
- [137] Schwyzer, R. *100 Years Look-and-Key Concept: are Peptide Keys Shaped and Guided to their receptors by the Target Cell Membrane?*, *Biopolymers*, **37**, 5-16, 1995.
- [138] Ansell, R. J.; Ramnström, O. y Mosbach, K. *Towards Artificial Antibodies Prepared by Molecular Imprinting*, *Clinical Chemistry*, **42**, **9**, 1506-1512, 1996.
- [139] Leibniz, G. *Monadology §10. §11. En: The Philosophical Works of Leibniz. 1908.* Traducida por G.M. Duncan. New Haven: Tuttle, Morehouse y Taylor. Second Edition. 1714.
- [140] Baldwin, J. M., *A New Factor in evolution*, *American Naturalist*, **30**, p. 441-451, 1896.
- [141] Frank Herbert, *Dune*, Berkeley Medallon Edition, 1977.
- [142] Zalamea F., Ariel y Arisbe, *Evolución y evaluación del concepto de America Latina en el siglo XX.*, Convenio Andres Bello. Bogotá. p. 51-90, 2000.
- [143] Burkhardt, R. W. *The Spirit of System, Lamarck and Evolutionary Biology*, p. 145-146, 1977.
- [144] Lamarck, J-B. *Filosofía zoológica*, Barcelona, Joan Senent, Editorial Mateu, 1971[1809].
- [145] Peirce, C. S. *Collected Papers*, Cambridge, M. A., The Belknap Press of harvard University Press, Traducido y editado por Armando Sercovich (1987) *Obra Lógico Semiótica*. Madrid, Taurus Ediciones, 1965.
- [146] Darwin, C. *The Origin of Species by Means of Natural Selection or Preservation of favored Races in the Struggle for Life (1859)*, Nueva York, N. Y., Collier Books, 1962[1859].
- [147] Piaget, J., *Psicología y Epistemología*. Barcelona. Ediciones Ariel, p. 89, 1971.
- [148] Andrade, L. E., *Natural selection and Maxwell demon's: a Semiotic approach to Evolutionary Biology*. SEMIOTICA (special issue Biosemiotica) Ed. Hoffmeyer y Emmeche. Mouton de Gruyter, 127. No.1/4 p. 133-149, 1999.
- [149] Whitehead, A. N. *Nature and Life*, Nueva York, Green Wood Press, 1968.

- [150] Peirce, C.S. *Semiotics and Significs: The correspondence Between Charles S. Peirce and Victoria Lady Welby*, Editado por Charles S. Hardwick y James Cook, Indiana University Press, Traducido y editado por Armando Sercovich (1987), Obra Lógico Semiótica, Madrid, Taurus Ediciones, p. 110-111; 112-115, 1977.
- [151] Ohno, S. *Evolution by Gene Duplication*, Berlin, Springer Verlag
- [152] Gould, S.J. y E. Vrba *Exaptation a Missing Term in the Science of Form*, *Paleobiology*, **8**, 4-15, 1982.
- [153] Goodwin, B. en M.W. Ho y P.T. Saunders *Beyond Neo-Darwinism. An Epigenetic Approach to Evolution*, *Journal of Theoretical Biology*, **78**, 573 y ss., 1979.
- [154] Cadena, L. A. *Ni holismo, ni reduccionismo: azar y necesidad*, Memorias N°1, Academia Colombiana de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Santafé de Bogotá, 89-106, 1994.
- [155] Leibniz, G. W. *Monadología*, Argentina, Hyspamerica Ediciones S. A., 46-48, 1983.
- [156] Waddington, C. H., *La Evolución de las Adaptaciones*, *Endeavour* (Julio), p. 134-139, 1953.
- [157] Levin, R. y Lewontin, *The Dialectical Biologist*, Boston M. A. Harvard University Press, p. 100, 1985.
- [158] Hoffmeyer, J. y Emmeche, C, *Code- Duality and The Semiotics of Nature*. En: Anderson, M., Merrel, F. (Eds.), *On Semiotics and Modeling*, Mouton de Gruyter. Ed. New York, p. 117-166, 1991.
- [159] Peirce C. S., *Collected Papers of Charles Sanders Peirce*, Vol **1-8**, C. Hartshorne , P. Weiss y a. W. Burks (Ed.), Cambridge, MA: Harvard University Press, C.P. 1.409, 1.415, 1.416, 1931-1958.
- [160] Bateson, G. *Mind and Nature. A Necessary Unity*, Nueva York, Bantam Books Inc, 1980.
- [161] Darwin, Ch., *The Origin of Species*, London: John Murray, 6th Edition, p. 32, 1872.
- [162] Jablonka, E. y M. J. Lamb, *Epigenetic Inheritance and Evolution, The Lamarckian dimension*, Oxford University Press, p. 230-233, 1995.

-
- [163] Mc Clintock, B., *The significance of Responses of the Genome to Challenge*, Science, **226**, p. 792-801, 1984.
- [164] Depew, y Weber, B. *Darwinism Evolving: Systems Dynamics and the Genealogy of Natural Selection*, Cambridge MA. MIT Press, p. 244-273, 1995.
- [165] Kimura, M., *The Neutralist Theory of Molecular Evolution*, Cambridge Univesity Press, Cambridge, p. 104-113, 1983.
- [166] Condit, R. *The Evolution on Transposable Elements: Conditions for Establishment in Bacterial Population*, Evolution, p 44, 347-359, 1990.
- [167] Thaler, D. *The Evolution of Genetic Intelligence*, Science, **264**, 224-225, 1994.
- [168] McDonald, J. F. *The responsive Genome: Evidence and Evolutionary Implications*, en *Development as Evolutionary Process*, Ed. R. A. Raff y E. C. Raff, Nueva York, Alan Liss, 1987.
- [169] Pedigo, L. P. *Entomolgy and Pest Management*, Nueva York Mcmillan, 1989.
- [170] Mayr, E. *Population, Species and Evolution*, Cambridge, M A, Harvard University Press, 1970.
- [171] Taddei, M., Radman, M., Maynard, J., Smith, J., Toupance, B., Gouyon, P. H. y Godelle, B., *Role of Mutator Alleles Inadaptive Evolution*, Nature, **387**, p. 700-704, .1997.
- [172] Tang, M., Pham, P. Shen, X., Taylor, J. S., O'Donnell, M., Woodgate, R. Goodman, M. F., *Roles of E. coli DNA Polymerases IV and V in Lesion- Targeted and untargeted SOS Mutagenesis*, Nature, **404**(6781): 1014-1018, 2000.
- [173] Johnson, R., Prakash, S. y Prakash, L., *The Human DINB 1 Gene encodes the DNA Polimerase Pol B*, Proc, Ntl. Acad. Sci. (USA) **97**(8), p. 3838-3843, 2000.
- [174] Radman, M., *Enzimes in Evolutionary Change*, Nature, **401**, p. 866-869, 1999.
- [175] Bateson, G. *Somatic Adaptation*, en *Steps to an Ecology of Mind*, San Francisco: Chandler, Nueva York, Ballantine paperback, 1992.

- [176] Budavari, S. *The Merck Index*, Nueva Jersey, Rahway, Merck, 1989.
- [177] Bork, P. *Sperm-egg binding protein or proto-oncogene?*, Science, **271**, 1431-1432, 1996.
- [178] Wistow, G. J., J. W. Mulders y W. W. De Jong, *The Enzyme Lactate Dehydrogenase as a Structural Protein in Avian and Crocodilian Lenses*, Nature, **326**, 622-624, 1987.
- [179] Buss, L. W. *The Evolution of Individuality*, Nueva Jersey, Princeton University Press, 21-22 y 87, 1987.
- [180] Di Giulio, M., *Reflections on the Origin of the Genetic Code*, J. Theoretical Biology, **191** p.191-196, 1998.
- [181] Andrade, L. E., *La relación "genotipo-fenotipo" y su posible extrapolación al estudio del comportamiento y la cultura humana*, Ludus Vitalis, Revista de Filosofía de las Ciencias de la Vida, vol. **VIII**, N° 14, p. 189-202, 2000.
- [182] Løvtrup, S., *Epigenetics A treatise on Theoretical Biology*, John Wiley y Sons. London. 1974
- [183] Ho, M. W. y Saunders, P. T., *Beyond Neo Darwinism- An Epigenetic Approach to Evolution*, Journal Theoretical Biology **78**, 573-591, 1979.
- [184] Goodwin, B., *How the Leopard changed its spots. The Evolution of Complexity*, A touchstone book, Published by Simon y Schuster. New York. 1994.
- [185] Andrade, L. E., *The Organization of Nature: Semiotic Agents as Intermedirios Between Digital and Analog Informational spaces*, SEED Journal (Semiosis Evolution Energy Development), Vol **2** N° 1, p. 56-84, 2002. <http://www.library.utoronto.ca/see>.
- [186] Ascot, P., *The Lamarckian Cradle of Scientific Ecology*, acta Biotheoretica, **45**, 185-193, 1997.
- [187] Leff, H. y A. Rex, *Maxwell's Demon, Entropy, Information, Computing*, Princeton University Press, 15-18, 1990.
- [188] Grygoriu, P. *Estrategias diferentes para aumentar la información durante la evolución de los organismos simples y complejos*, Memorias del Seminario de Ciencia Teórica, Academia Colombiana de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Bogotá, 47-72, 1996.

-
- [189] Cohen, I. *The Cognitive Principle challenges clonal selection*, Immunology Today, **13**, **11**, 441-444, 1992.
- [190] Bohm, D. *Algunas observaciones sobre la noción del orden*, en Conrad, H. Waddington, Las ideas básicas de la biología. Hacia una biología teórica, Madrid, Alianza Editorial, S. A., 1976.
- [191] Robertson, D.L. y G.F. Joyce, *The Catalytic Potencial of RNA*, en Molecular Evolution on Rugged Landscapes: Proteins, RNA and the Immune System. Editado por A.S. Perelson y S.A. Kauffman, Santa Fe Institute in the Science of Complexity, 1991.
- [192] Horgan J., *Complexity and perplexity*, Scientific American, Junio de 1995.
- [193] Bennet C.H., *Logical depth and physical complexity*, en R. de Herken *The Universal Turing Machine: A Half-Century Survey*, Oxford University Press, p. 229, 1988.
- [194] Aristoteles, *Metafísica*, Estudio introductorio. Análisis de libros y revisión del texto por Francisco Larroyo, Editorial Porrúa, México, 1998.
- [195] Aristoteles, *Physics Book I and II*, Translated with Introduction, Commentary, Note on Recent Work, and Revised Bibliography by William Charlton, Clarendon Press, Oxford, 1992.
- [196] Kant, I., *The Critique of Judgment*, Translated by Jmes Creed Meredith Litt. D. (TCD), Oxford University Press, Amen House, London EC4 (1928), KU §16(77), 407 pp: 62, 1952. Reprinted 1964.
- [197] Thompson, DÁrcy, *On Growth and Form*, Ed. J. T. Bonner, Cambridge University Press, cambridge, 1961.
- [198] Bateson, G., *Mind and Nature. A necessary Unity*, Bantam Books, 1979.
- [199] Peirce C.S., *Collected Papers of Charles Sanders Peirce*, Vol **8**, Ed. by Charles Hartshome , Paul Weiss y A.W. Burks (Ed.), Cambridge, MA: Harvard University Press, C.P. 7.528, 1931-1958.
- [200] Peirce C.S., *Collected Papers*, The Belknap Press of Harvard University Press, Cambridge, MA, translated and Edited by Armando Sercovich, Obra lógico semiótica, Taurus Ediciones, Madrid, 1987.

-
- [201] Taborsky, E., *The Internal and External Semiotic Properties of Reality*, SEED Journal (Semiosis Energy Evolution Development), **1** N°1, 2001.
- [202] Wächterhäuser, G., *Methodology and The Origin of Life*, Journal of Theoretical Biology, **187**(4), p. 491, 1997.
- [203] Vinogradov, A. E., *Buffering: A Passive Homeostasis Role for Redundant DNA*, Journal Theoretical Biology, **193**, p. 197-199, 1998.
- [204] Dretske, F. I., *Conocimiento e información*, Barcelona. Salvat Editores, 1987.
- [205] Schneider, E. D. y Kay, J. J., *Complexity and Thermodynamics: Towards a New Ecology*, Futures, **24**(6), p. 626-647, 1994.
- [206] Salthe, S. N., *Energy Development and Semiosis*, En: *Edwma Taborsky (Ed.), Semiosis Evolution Energy Towards a Reconceptualization of the sign*, Shaker verlag Aachen, Alemania, p. 245-261, 1999.
- [207] Van Valen, L., *A New Evolutionary Law*, Evolutionary Theory, **1**, p. 1-24, 1973
- [208] Lamarck J. B. 1803, *Zoological Philosophy*, Nueva York, Hafner, p. 410. Traducido por H. Elliot y reimpresión, 1963.
- [209] Fox S. W., *Proteinoid Experiments and evolutionary Theory*, In *Beyond Neo-Darwinism*. Ed. Mae-Wan Ho y Peter T. Saunders. Academic Press, Inc, p. 15-60, 1984.
- [210] Eldredge, N., *Unfinished Synthesis. Biological Hierarchies and Modern Evolutionary Thought*. New York, Oxford. Oxford University Press. 1985.
- [211] Hull D. L., *A Matter of Individuality. Philosophy of Science*, **45**, p. 335-360, 1978.
- [212] Hesse, M., *Models and Analogies in Science*, Notre Dame, University of Notre Dame Press, 1966.
- [213] Barnes, B., *Scientific Knowledge and Sociological Theory*, London: Routledge, 1974.
- [214] Ricoeur, P., *The Rule of Metaphor*, Toronto, University of Toronto Press, 1977.

-
- [215] Cullmann, G, y Labouygues, J. M., *Le Code Génétique Instantané Absolutely Optimal*, *Compte Rendue* 301, Serie III, 157-160, 1985.