

**Sobre la noción de información genética:
semántica y excepcionalidad***
(*On the notion of genetic information: semantics and exceptionality*)

Arantza ETXEBERRIA AGIRIANO y Tomás GARCIA AZKONOBIA

Manuscrito recibido: 2002.07.08

Versión final: 2004.06.08

BIBLID [0495-4548 (2004) 19: 50; pp. 209-230]

RESUMEN. El objetivo de este artículo es analizar ciertas críticas a la aplicación de la noción de información en biología, teniendo en cuenta tanto la historia del concepto como las diferentes posiciones actuales. Creemos que la motivación principal de las críticas es negar que los genes sean un factor causal excepcional en el desarrollo, y favorecer la imagen de la vida como un sistema organizado que requiere diferentes recursos. Aunque compartimos el rechazo del reduccionismo genético, argumentamos que éste no es atribuible a la analogía informacional y que, por tanto, no es necesario abandonarla completamente.

Descriptores: código, desarrollo, evolución, gen, herencia, información, programa genético.

ABSTRACT. *The goal of this article is to analyze certain criticisms to the notion of information in biology, taking into account both the history of the concept and some recent positions. We think that the main motivation behind the criticisms is to deny that genes are an exceptional cause in development, and to favor an image of life as an organized system that requires different resources. While we share the rejection of genetic reductionism, we argue that it is not entirely due to the informational analogy and that, therefore, it is not necessary to abandon this analogy.*

Keywords: *code, development, evolution, gene, inheritance, information, genetic program.*

1. Introducción

Uno de los debates más interesantes que han surgido en la filosofía de la biología más reciente gira en torno a la noción de información genética (Emmeche 1999; Griffiths 2001; Kay 1997, 2000; Maynard Smith 2000a; Sarkar 1996, 1997, 1998; Wheeler and Clark 1999). Es una cuestión compleja, en la que inciden diferentes apreciaciones y sensibilidades, aunque aquí vamos a centrar la discusión en dos asuntos, que consideramos principales: la validez del concepto de información para la biología, y el papel de los genes en la búsqueda de una explicación adecuada para la evolución y el desarrollo de los organismos.

Respecto al primero, es bastante evidente que tanto la noción de información como otras derivadas del mismo campo semántico (código, reconocimiento, etc.) cumplen un papel aclaratorio y pedagógico ineludible: los hechos de la biología molecular

* Este trabajo recibió financiación de los proyectos 9/UPV 00003.230-13707/2001 (de la Euskal Herriko Unibertsitatea-Universidad del País Vasco) y BFF2002-03294 (del Ministerio de Ciencia y Tecnología). Antonio Casado y Jon Umerez leyeron un borrador previo y sugirieron mejoras. Los comentarios ofrecidos por dos revisores anónimos nos obligaron a repensar el contenido y la forma de expresar varios pasajes. Agradecemos toda esta ayuda.



tal y como se entienden hoy día no se dejan expresar fácilmente sin el recurso a la noción de información. Podemos decir que esta familia de conceptos tienen una presencia innegable en la ciencia actual, al menos como fuente de metáforas y analogías que permiten visualizar o representar los procesos biológicos vinculados con los genes.

Aún así, la validez de la noción de información en biología se ha puesto en cuestión en bastantes ocasiones. Algunas críticas “eliminativistas” han pensado que este uso es antropocéntrico, pues consideran que la acción informacional o simbólica de las moléculas sólo existe para el observador y, por tanto, su extrapolación al contexto del ser vivo no está justificada (Stuart 1985a,b). También se ha considerado como un obstáculo para entender a los seres vivos como sistemas autónomos (Varela 1979). A veces se piensa que el uso metafórico, dado que no se refiere a la ontología real, es inaceptable y se defiende una vuelta a la explicación de los fenómenos vivientes como interacciones dinámicas de tipo causal, mostrando así escepticismo sobre el poder explicativo o heurístico de la información en biología (Sarkar, 1996b). La mayor parte de ellas coinciden en decir que el uso acrítico del concepto de información da lugar a la idea equivocada de que toda la causalidad reside en los genes y no en el ambiente o en otros procesos orgánicos, propugnando un preformacionismo genético que impide entender adecuadamente el desarrollo y otros procesos vivientes dinámicos. Si la información propicia la imagen de los genes como determinantes privilegiados de los fenotipos de los organismos, su influencia es negativa, ya que aquella no se corresponde con el estado actual del conocimiento en biología.

Por esta razón, el segundo asunto de la discusión, el papel de los genes en la búsqueda de una explicación adecuada para la evolución y el desarrollo de los organismos se ha relacionado a veces con el hecho de que los genes se consideren portadores de información, ya que algunos autores han considerado que esta caracterización propicia posturas reduccionistas y deterministas.

Así, la noción de información genética ha recibido críticas relacionadas con la creciente preocupación, tanto en la biología como en la filosofía de la biología, por tener en cuenta el proceso de desarrollo orgánico, considerado por muchos como el gran olvidado en la llamada Síntesis Moderna.¹ Tanto la Teoría de los Sistemas de Desarrollo² (en inglés *Developmental Systems Theory*, nos referiremos en adelante a ésta como DST) en un terreno fundamentalmente filosófico, como la biología de desarrollo evolutiva,³ (*Evolutionary Developmental Biology* o “evo-devo”) como nueva disciplina biológica (y que ha suscitado ya un considerable debate filosófico), inciden en la necesidad de integrar el desarrollo en la teoría fundamental de la biología. La integración del desa-

¹ Este concepto fue acuñado por Huxley (1942) para referirse a una síntesis entre diferentes subdisciplinas efectuada por biólogos como, además de Huxley, Mayr, Simpson y Dobzhansky. A veces los textos se refieren a la misma como “teoría sintética”. Últimamente hay quien se refiere a este paradigma global como la “concepción heredada” (Sterelny and Griffiths 1999). Es muy importante tener en cuenta que el proyecto de la Síntesis concibe a la evolución como el elemento unificador de todos los procesos biológicos.

² Véanse: Griffiths and Gray 1994; Oyama 1985; Oyama, Griffiths and Gray 2001.

³ Véanse: Hall and Olson 2003; Müller and Newman 2003.

rollo es problemática porque su papel en la Síntesis se ha explicado atendiendo fundamentalmente al control genético ejercido en los procesos de división y diferenciación celular, dejando así de lado todo el conocimiento acumulado por tradiciones como la embriología, no tan centradas en los genes.

Existe, por todo ello, una tensión entre la necesidad de ampliar los fundamentos de la biología para poder acomodar el pluralismo causal que la explicación adecuada de los procesos biológicos requiere, y determinados usos del concepto de información en biología. El objetivo de este artículo es analizar esta tensión, repasando algunos de los argumentos que se han invocado en el debate. Un escenario central del mismo, que revisamos en este artículo, es la contraposición entre la tesis de paridad, propuesta por la DST, y la defensa de una noción intencional de información que realiza Maynard Smith (2000a).

La Tesis de Paridad niega que los genes sean más importantes que los demás factores causales presentes en el desarrollo afirmando que: “cualquier sentido en el que se diga que los genes codifican rasgos fenotípicos o un programa de desarrollo, o contienen información puede igualmente aplicarse a otros factores necesarios para el desarrollo” (Griffiths y Gray 2000, p. 195).⁴ La estrategia central de la DST consiste en afirmar que los genes no cumplen el papel directivo que habitualmente se les atribuye, diciendo que no son diferentes de los demás recursos (ni, por tanto, privilegiados o excepcionales con relación a ellos) en este aspecto de contener información.

Maynard Smith, por su parte, niega la tesis de paridad y afirma que la noción de información en biología, y la distinción entre componentes que son informacionales y los que no lo son en la célula, aclara algunos aspectos cruciales de la función del genoma en los organismos, como su contenido semántico y la capacidad para evolucionar.

Nuestra posición es que los dos asuntos mencionados —la caracterización informacional del genoma y la explicación del papel de los genes— se relacionan de forma indebida cuando las críticas sugieren que la prioridad causal genética, que se rechaza, tiene su fundamento en el uso de la noción de información. Pero esta afirmación sólo se sostiene si se puede mostrar que hay una noción de información de la que no se deriven el reduccionismo ni el determinismo. No acompañamos a Maynard Smith en su defensa de una noción intencional de información para la biología, porque consideramos que ésta no tiene suficientemente en cuenta el problema de la organización viviente y tiene el peligro de caracterizar la información genética como un primitivo del que emana esta organización. La validez de la noción de información está condicionada a su inserción en el contexto de una organización en la que sea interpretada de forma operativa.

Para insertar esta contraposición en el contexto del debate más amplio sobre la noción de información genética, en la sección 2 analizamos brevemente su origen. Posteriormente (sección 3), pasamos a comentar la centralidad de la noción de gen en la teoría de la evolución, reflejada en la doctrina del “replicador”, en contraste con las

⁴ La traducción de todos los textos ha sido realizada por los autores del artículo.

propuestas de ampliación de los factores de la herencia de, entre otros, la DST. La caracterización del gen como portador de información, aparece en dos motivos biológicos centrales como son el código genético y el programa genético (sección 4). La sección 5 recoge ese contraste, que consideramos central en el debate, entre la tesis de paridad de la DST y la defensa de la información genética de Maynard Smith. Finalmente, en la sección 6, tratamos de expresar de forma explícita las razones por las que creemos que estas dos posiciones reflejan una tensión en la biología actual cuya solución requiere la profundización en la investigación sobre la organización del organismo.

2. Origen de la noción de “información genética”

La noción de información genética y en general el recurso al vocabulario y conceptos semióticos o textuales para explicar los fenómenos biológicos, se puede rastrear a partir de varias fuentes diferentes. Una es la propia noción de gen, que se origina en el estudio de la herencia, e influye en la forma en la que se desarrolla la teoría de la evolución. Otra, la interpretación material de los genes como moléculas secuenciales con capacidades replicativas se da dentro de un proceso de “molecularización” de la explicación de la vida propia de la Biología Molecular (Kay 1997, 2000). Además, el origen del uso de la noción de información en el sentido actual admite por los menos dos interpretaciones, y es plausible que deba tenerse en cuenta una combinación de ambas. Según una de ellas el vocabulario informacional se introduce al hilo de los propios descubrimientos y estaría motivada por el hecho de que en la vida hay un fenómeno que no sucede en los sistemas inanimados: la existencia de moléculas cuya conformación no surge espontáneamente a través de procesos físico-químicos sino que depende de una secuencia que o bien es copiada de otras (replicación de los ácidos nucleicos), o bien es construida a partir de otra secuencia en virtud de un “código” que permite establecer correspondencias entre los elementos de las dos secuencias (construcción de proteínas). El concepto de información trataría de dar cuenta de que las moléculas de la vida no tienen una forma intrínseca sino que están informadas por otras (Barbieri en prensa, Emmeche 1999). Según la otra, los conceptos informacionales habrían sido importados a la biología molecular a partir de otras disciplinas, como la teoría de la comunicación y la cibernética, y tendrían un uso metafórico en biología.

Hasta el siglo pasado reproducción y desarrollo se concebían como continuos, como eventos sucesivos y basados en la misma materia prima (Bowler 1983). En el caso de la reproducción sexual se suponía que los caracteres de los progenitores se “fundían” para producir el organismo hijo/a.⁵ Entre los hechos que quiebran esta continuidad están la separación de Weismann entre la línea germinal y la somática, el redescu-

⁵ Esto era un problema para la teoría de la evolución por selección natural, que requiere variaciones. Según la teoría de Darwin —la *pangénesis*— cada parte del cuerpo produce unas partículas llamadas “gémulas” que son responsables de reproducir tal parte en la descendencia. Las gémulas se transportan en la corriente sanguínea hasta los órganos reproductivos y la fertilización consiste en la mezcla o fusión de las gémulas de ambos padres (ver Bowler 1983).

brimiento de los experimentos de Mendel y la adopción de sus leyes de la herencia, y la formulación de la separación genotipo-fenotipo (por Johansen en 1911). Los tres conducen a la separación de la materia destinada a la reproducción (y evolución) del sistema como distinta de la propiamente somática. Conjuntamente dan lugar a considerar que la herencia, disociada del desarrollo, consiste en la transmisión de elementos “inmortales” (o, en cualquier caso, que suceden a una escala temporal más amplia que la vida de un organismo individual), y tal vez determinantes de todos los rasgos que los organismos adquirirán durante su vida. Maynard Smith (1986) sugiere que Weismann sería una de las primeras personas que vio que lo que importa en la herencia es un flujo no de materia o energía, sino de información. Esta concepción de la herencia trae consigo una progresiva “abstracción” (Griesemer 1992) del pensamiento biológico, de forma que la explicación se fundamenta cada vez menos en los procesos materiales.

La noción de gen fue acuñada por Johansen en 1909 para referirse a la realización material de los “factores” determinantes mendelianos. El gen sería el responsable de un carácter como una unidad diferenciada y aparece en la especie en una variedad de alelos. La discusión sobre si se trata de una partícula material o de una entidad hipotética ha sido una constante desde entonces hasta nuestros días, pues desde el periodo inicial se debate la naturaleza de estos vehículos de transmisión hereditaria.⁶

Aún así, el uso del término gen se generaliza, y va adquiriendo diferentes referentes en el periodo entre 1900 y 1950. Atendiendo sólo a las teorías corpusculares (es decir, sin tener en cuenta las teorías de campos u otras basadas en una sustancia genética difusa y continua) aparecen cuatro conjeturas diferentes sobre qué es lo que se trasmite en la herencia: los materiales mismos de construcción (cuando se asume que los genes son proteínas), los catalizadores (enzimas) de los procesos orgánicos, energía, y, por último, empiezan a entenderse como portadores de información propiamente dicha (Mayr 1982).

Hasta los años cuarenta del siglo pasado se creía que el material genético eran las proteínas, debido a su abundancia, y a su papel preponderante en todas las reacciones bioquímicas importantes. El papel del ADN como molécula de la herencia se empieza a reivindicar a partir de los experimentos de Avery y su grupo en 1944 y sobre todo a partir de la aclaración de su estructura en 1953 por Watson y Crick (Olby 1974).

En el origen del descubrimiento de la estructura molecular de la herencia suelen considerarse dos fuentes principales (Cairns, Stent and Watson 1966, Olby 1974, Gilbert 1982). La primera es el trabajo realizado por la “escuela estructural” para determinar la arquitectura atómica detallada de ciertas moléculas biológicas clave, mediante análisis cristalográfico. La segunda, los estudios realizados por la escuela “informacio-

⁶ Las críticas del momento muestran descontento porque es un concepto estático (mientras que una buena explicación debería ser más fisiológica o dinámica); por ser meramente teórico o simbólico (no hay una idea clara de su naturaleza química); por consistir mayormente en un malabarismo de números que no termina de explicar el problema; por fijarse excesivamente en las partes en detrimento del todo; por el hecho de que tales partes se entiendan como fijas y estables, y no dinámicas (Maienschein 1992).

nal” en virus bacterianos, los bacteriófagos o fagos, realizados por el llamado “grupo de los fagos”, que trataban de elucidar los procesos mediante los que el material hereditario puede producir las propiedades características de los organismos. A partir de 1953 la disciplina se renueva como una síntesis entre la cristalografía (que estudia la física conservativa de los ácidos nucleicos) y la escuela del fago, más preocupada por el aspecto funcional. Ello permite el auge definitivo de la biología molecular.

A menudo se considera que los principales artífices de la introducción de la información en este nuevo marco de la biología molecular fueron los físicos que habían cambiado de disciplina para entrar a trabajar en biología (por ejemplo, Delbruck, Szilard, etc.). Muchos de ellos estarían influidos por las ideas de Bohr sobre la necesidad de extender la complementariedad a la biología y sobre todo, por el *¿Qué es vida?* de Schrödinger, donde además de anticipar la imagen termodinámica de la vida como propia de sistemas con entropía negativa, adelanta la idea de que la herencia podría estar basada en un orden aleatorio como el de un cristal aperiódico. Tal tipo de orden podría entenderse como un lenguaje.⁷ Ver (Yoxen 1979) para un análisis de la recepción del libro de Schrödinger en la biología molecular.

Aunque el segundo de los artículos publicados por Watson y Crick en 1953 ya contiene la palabra información, el uso de esta terminología es evidente en el artículo de 1958 en el que Crick identifica la información con la especificación de la secuencia de una proteína y formula el llamado “dogma central de la biología molecular”. Según éste el flujo informacional en la célula es unidireccional: el paso del ADN al ARN está mediado por una relación de complementariedad o molde entre los eslabones de las cadenas (nucleótidos) y el del ARN a las proteínas se produce en virtud de un código, químicamente arbitrario, que relaciona tripletes de nucleótidos con los aminoácidos. De esta forma, la noción bioquímica de “especificidad” se empieza a entender en términos de información (Kay 1997, Sarkar 1996, 1997). Era conocido que las proteínas (las enzimas) entran a formar parte de cadenas de reacciones que ejecutan, gracias a su conformación, acciones muy especializadas en las que reconocen un tipo, a veces único, de sustrato. Las explicaciones de esta capacidad eran variadas, pero en general se creía que era heredada. El cambio de mentalidad radica en que ahora se entiende que en la herencia, en lugar de transmitirse ejemplos o muestras de moléculas vitales con funciones muy específicas, se transmiten secuencias con información para construir tales moléculas en virtud de un código.

La dinámica celular de esta información permite descubrir esquemas de regulación de los procesos celulares, como el operon lactosa (ref. de Jacob y Monod) que mejoran la comprensión de la forma en que funciona la codificación de los elementos fundamentales de la célula. Aquí ya se percibe una clara influencia de nociones desarrolla-

⁷ En ese trabajo de Schrödinger se encuentran pasajes como: “(los) cromosomas... contienen en alguna forma de clave o texto cifrado el esquema completo del individuo y de su funcionamiento en estado maduro”. También: “las estructuras cromosómicas son al mismo tiempo los instrumentos que realizan el desarrollo que ellos mismos pronostican. Representan tanto el texto legal como el poder ejecutivo; para usar otra comparación, son a la vez los planos del arquitecto y la mano de obra del constructor” (1944, pp. 41-42).

das por la cibernética, tales como regulación y retroalimentación, o por lo menos una similitud muy sugerente.

El genoma sería un sistema de almacenamiento o memoria, a partir de cuya estructura y dinámica se pueden explicar muchos fenómenos evolutivos y biológicos en general. Esta perspectiva está propiciada en gran medida por el carácter lineal y secuencial de los soportes genéticos, que parecen adecuados (adaptados, incluso) para el almacenamiento discreto de la información y su replicación fiable.⁸ Una de las mayores fuentes de inspiración para las analogías entre el genoma y el lenguaje provienen de su estructura secuencial. El ADN está compuesto de largas cadenas de cuatro nucleótidos (ATCG), que constituyen su alfabeto básico. Los genes son combinaciones de estos nucleótidos (cuya longitud viene determinada por codones que señalan el comienzo y el final del gen). Estas cadenas son leídas secuencialmente y transcritas en ARN, que a su vez es traducido a cadenas de aminoácidos.⁹ El código que liga tripletes de nucleótidos con aminoácidos parece arbitrario, lo que da lugar a la posibilidad hipotética de la existencia de una enorme variedad de lenguajes genéticos.

Así, la idea de que el gen tenga una naturaleza informacional y, en general, el análisis de los fenómenos biológicos mediante analogías y metáforas concebidas por influencia de la teoría de la información y la cibernética, cambia sustancialmente el marco conceptual de la biología. Aunque este uso no se generaliza hasta fines de los años sesenta, surge la cuestión de si los científicos inventaron espontáneamente un vocabulario semiótico simplemente estudiando la vida en el nivel molecular o celular o si la introducción de esta terminología y esta concepción fue importada de otros ámbitos interdisciplinarios como la teoría de la comunicación de Shannon o la cibernética.

Algunos historiadores consideran que estas ideas no se generan sólo a partir de la propia investigación biológica, sino que los tropos lingüísticos y las metáforas textuales son anteriores a 1953. Así, Kay (1997 mas refs.) ha defendido que la nueva visión

⁸ En un sistema de almacenamiento de información analógico, un disco de vinilo por ejemplo, es difícil hacer copias del mismo sin una pérdida de calidad apreciable, necesitamos siempre el master original para las copias. Esto es debido a que la información se almacena de modo continuo, con lo que la posibilidad de degeneración es mayor. La naturaleza física de la representación en los sistemas analógicos hace que la información se deteriore con facilidad y la detección de errores sea costosa. En uno digital, sin embargo, es posible reproducir el original de cualquiera de las copias: la información se almacena de forma discreta, mediante un proceso de codificación. Esto hace que la información guardada no sea directamente dependiente del soporte físico del reproductor y que sea más fácil detectar los errores. (En un sistema analógico la información se almacena mediante valores numéricos, en uno digital por palabras binarias. Así en un sistema analógico el valor 1,4 puede fácilmente degenerar a 1,400000001, en un sistema digital, un cambio de un cero por un 1 en la serie 000011110, da lugar a una palabra completamente diferente, y por lo tanto fácil de corregir). El mecanismo de corrección de errores de copia en el ADN es sorprendentemente parecido al de corregir errores de copia en un texto: si la nueva cadena formada posee nucleótidos no complementarios a la de la original son sustituidos por los correctos.

⁹ Mucho más tarde se ha descubierto que las secuencias de ARN no se corresponden unívocamente con las de DNA, sino que existe un proceso de "edición" en el que hay trozos que se pueden "cortar y pegar" en diferente orden. Esto indica que pueden construirse proteínas diferentes a partir de la misma secuencia de DNA.

de la vida no surge a raíz de los hechos desnudos de la investigación, sino que la imagen informacional se gesta en el caldo de cultivo interdisciplinar de la ciencia de la época de forma que, desde áreas como la cibernética, la teoría de la información y las nascentes ciencias de la computación se trasvasa a la biología molecular. En su estudio minucioso apunta que hubo contactos entre gente de la cibernética como Von Neumann y biólogos moleculares, y considera que los planteamientos de la cibernética de Wiener, en concreto la idea de que la complejidad de sistemas como los vivientes no depende de las relaciones físicas o químicas entre sus componentes, sino de la forma u organización de los mismos, influyó en todo el conocimiento de la época, incluida la biología molecular.

Ya en torno a los años sesenta la mayor parte de la biología considera que la naturaleza informacional del gen constituye la resolución largamente buscada del problema de la herencia (Mayr 1982). Si la separación entre la materia y la información o forma aristotélica ya impregna los estudios de la herencia del siglo XIX, la teoría de la información y la cibernética tuvieron gran influencia, más asumida y consciente en algunos casos que en otros, en el desarrollo de la genética y la biología a partir de los 60. El hecho de que la noción de información no haya permitido explicar de forma satisfactoria el origen de la semántica en los seres vivos y que haya dado lugar a muchos otros problemas motiva, aun así, dos tipos de respuestas. Una de ellas rechaza el uso de la información y la otra considera que puede trabajarse para desarrollar un marco conceptual más satisfactorio basado bien en los estudios de complejidad o en la biosemiótica.

3. Los genes en la herencia y en la evolución

Como la filosofía de la biología de las últimas décadas ha prestado una atención especial a la teoría de la evolución (ya que la Síntesis Moderna considera que la evolución es el aspecto unificador de la biología), es conveniente proseguir el recorrido analizando el papel que se ha atribuido a los genes en la herencia en virtud de su capacidad de replicación.

La evolución es el proceso de cambio que se genera en la herencia con modificación. En la literatura biológica se ha discutido por extenso sobre la naturaleza de las entidades implicadas en este proceso. La “concepción heredada” consideraba que sólo los organismos interactúan con el entorno, y que la selección natural sólo descarta organismos completos (por inviabilidad en su adaptación al entorno o en la reproducción). Esta idea chocaba con los estudios en genética de poblaciones, que refieren la mayor parte de los cambios a los genes.

La posición que más radicalmente cambia la intuición de que la selección actúe sobre los organismos es la de Dawkins (1976, 1982), que defiende que las unidades relevantes en las que aparece y se trasmite la variabilidad requerida por la evolución no son los organismos (ni los genotipos), sino los genes individuales. Dawkins distinguió entre “replicador” y “vehículo”, y consideró que sólo los genes son replicadores, y el resto de los fenómenos y entidades biológicas son vehículos construidos por ellos en beneficio e interés propio. En los unicelulares que se reproducen asexualmente, podría

considerarse que el replicador es el genoma completo, pero en los organismos con reproducción sexual, es decir, con meiosis, los replicadores son los genes individuales capaces de competir para mejorar sus propias oportunidades de replicación. Dawkins caracterizaba a los organismos como meras “máquinas de supervivencia” en su primer libro. Más tarde (1982), incluye las construcciones en el entorno dentro de la fenomenología que se genera con el único fin de garantizar y maximizar la replicación de los genes individuales (el “fenotipo extendido”).

Esta forma de entender la dicotomía entre los dos roles, replicadores y vehículos, fue criticada por Hull, quien cree que no captura la importancia real de los dos procesos implicados en la evolución (origen de la variabilidad y unidad de selección), ya que hace que las entidades sobre las que actúa la selección (vehículos) no sean más que consecuencias directas de un sólo factor causal (los genes). Por ello, propuso rescatar teóricamente estas dos categorías o entidades, a las que llamó “replicadores” e “interactores”, según el estatus que le correspondiera. Un replicador es: “una entidad que transmite su estructura directamente en la replicación”, y un interactivo: “una entidad que interactúa directamente como un todo cohesivo con su entorno de forma que la reproducción es diferencial” (Hull 1980, p. 318). Esta nueva distinción confiere a los interactores un estatus biológico independiente del de los replicadores. Muchos investigadores han aceptado de buena gana esta distinción y han considerado que se pueden identificar diferentes interactores a escalas o niveles diferentes (visión pluralista de las unidades de selección). Por tanto, mientras para Dawkins los genes determinan la ontología biológica, la distinción de Hull abre el escenario a una visión jerárquica, en la que se pueden distinguir diferentes entidades que cumplen estos roles en cada uno de los niveles (ver también Eldredge y Salthe 1984; Grene 1987).

Recientemente se han puesto en marcha proyectos que pretenden integrar los estudios de embriología y desarrollo. Las consecuencias filosóficas de esta integración (o expansión o síntesis) son demasiado complejas para que las podamos tratar aquí, pero sí es importante tener en cuenta que se amplía la noción de herencia, y que ésta no se entiende ya como la transmisión de ciertos factores, sino como el proceso completo de la reproducción, es decir aquel mediante el cual un organismo produce otro individuo igual (por ello debe incluir el desarrollo).

Así, la DST considera que es un problema identificar a los replicadores con los genes. Una de las razones que se invocan para privilegiar el papel causal de los genes es que los factores genéticos se replican, mientras que los otros no. Sin embargo, esto es cuestionable, pues sostener que los genes se “autorreplican” supone una idealización innegable, ya que los genes no se replican por sí mismos, un segmento de ADN aislado de la maquinaria citoplasmática de los ribosomas y proteínas es incapaz de replicarse. Bajo condiciones naturales este sistema se replica a sí mismo gracias a la presencia de los demás recursos, la replicación del gen va unida a la reproducción de toda la célula. La membrana celular, además de ser necesaria para mantener la propia viabilidad de la célula, sirve además como “template” para las proteínas en el proceso de construcción de una nueva membrana. En el proceso participan además ciertos orgánulos, como la mitocondria, que contiene su propio ADN, al que también habría que añadir

el sistema marcador de cromatina (*cromatin marking system*), necesario para que el proceso de transcripción funcione adecuadamente (Jablonka and Lamb 1995). Estos hechos bastarían para constatar que la replicación del gen va unida a la reproducción de todo el organismo, por lo que dista mucho de ser una entidad “autorreplicante”.

Pero de hecho, además de ADN, un organismo recibe multitud de recursos extracelulares de la generación anterior. Junto a todos los elementos citoplasmáticos que mencionábamos más arriba, el organismo hereda también multitud de recursos extracelulares. Una hormiga, por ejemplo, dependiendo del tipo de estimulación química que reciba durante su desarrollo, se convertirá en obrera, soldado o reina. En organismos vivíparos, el entorno del seno materno no sólo proporciona nutrición, sino también un tipo de estimulación esencial para el desarrollo normal del sistema nervioso. Desde esta perspectiva podríamos aplicar el concepto de herencia a cualquier recurso que esté presente en las generaciones sucesivas y que sea parte de la explicación de por qué cada generación se asemeja a la anterior, ampliando así el rango de eventos con potencial evolutivo, restringido clásicamente a los genes. Son muchos los recursos no-genéticos que se transmiten a través de las generaciones que causan cambios en el ciclo de vida de la siguiente generación. Algunas especies de áfidos, por ejemplo, pasan siempre la bacteria *Buchnera* de la madre o bien a los huevos o al embrión en desarrollo (Griffiths and Gray 2001). La bacteria permite a los áfidos alimentarse de plantas que de otra manera hubiesen sido incapaces de digerir. La DST va más allá en su inclusión de recursos necesarios para el desarrollo de organismo. Al tipo de recursos extracelulares, creados por las poblaciones, añaden otra serie de factores externos, como por ejemplo luz solar, temperatura, gravedad, etc. que innegablemente son de vital importancia para el desarrollo (Griffiths and Gray 1994). Estos autores aplican el concepto de herencia a cualquier recurso presente de forma segura generación tras generación y que forme parte de la explicación de por qué cada generación se asemeja a la anterior. Usan el concepto de herencia para explicar la estabilidad de la forma biológica de una generación a otra.

Sin embargo, el enfoque de la DST no se cuestiona si todos los sistemas de herencia son igualmente fiables, o si tienen la misma capacidad para introducir variación, que para muchos es el ingrediente fundamental para la evolución darwiniana. Aquí aparece, por tanto, un aspecto de la tensión que hemos señalado anteriormente: tanto la DST como otros investigadores preocupados por solucionar la falta de integración del desarrollo en la biología unificada bajo el manto evolutivo han mostrado de forma convincente que la herencia no reside únicamente en la transmisión de genes. Pero ello les obligará, como veremos, a usar el término información en un sentido muy amplio que impide distinguir entre los diferentes tipos de recursos según sean o no portadores de información. Trataremos de mostrar que este efecto de la tesis de paridad (o “democracia causal”, Oyama 2000) no es beneficioso para la teoría biológica.

4. *Los genes como portadores de información*

Antes de discutir sobre la validez o la necesidad de la noción de información (en la sección siguiente), en este apartado analizamos dos conceptos basados en ella: la de código genético y la de programa genético.

Desde hace tiempo se contempla la posibilidad de que en la herencia se transmita alguna forma de descripción. Por ejemplo, Von Neumann consideraba que el hecho de que los seres vivos contengan una descripción de sí mismos que transmitan en la reproducción es un requisito para evolucionar y que, en la naturaleza, este hecho constituye un umbral de complejidad que distingue a los seres animados de los inanimados. El papel de los genes y el entorno en la ontogénesis se ha explicado también con la metáfora de un edificio en construcción. Los genes se interpretan como el plano del arquitecto y los demás factores como los materiales de construcción. Últimamente se ha defendido una noción más epigenética de “receta”, según la cual lo que almacena el genoma son instrucciones para construir las proteínas responsables.

4.1. *Código genético*

Una de las nociones centrales para la consideración informacional del genoma es la de código genético.¹⁰ Este, en principio, se refiere exclusivamente a los emparejamientos que produce la molécula ARNt: aunque exista una afinidad química entre los tripletes de nucleótidos y los aminoácidos que liga esta molécula, ésta no es tan fuerte como para determinar unívocamente estos enlaces. Se habla de código porque puede decirse que las uniones son “arbitrarias”, es decir, en principio la química admitiría que los enlaces fueran diferentes. Su origen sería un “accidente congelado”.¹¹

La noción de código es delicada. Es necesaria para explicar la organización celular que en los organismos actuales depende de la existencia de dos tipos de moléculas, los ácidos nucleicos, que tienen una capacidad para replicarse por molde (replicación muy fiable), y las proteínas, que son cadenas de aminoácidos construidas siguiendo el molde de las primeras y se pliegan hasta adquirir una configuración tridimensional que “reconoce” específicamente a un tipo concreto de sustratos.

¹⁰ El desciframiento del código supuso la solución de un problema que se planteaba en los orígenes de la bioquímica. Se sabía que el núcleo de las células contenía el material hereditario, compuesto de ADN, y se sabía también que los organismos se constituían fundamentalmente de proteínas, largas cadenas de aminoácidos. El código permitía relacionar el mundo de los ácidos nucleicos con el de las proteínas. Cada codón, compuesto por tres nucleótidos, se corresponde con un aminoácido diferente. (En realidad hay varios codones que especifican el mismo aminoácido, y otros se interpretan como señales de comienzo y final de “lectura”). Las moléculas de ARNt se encargan de emparejar codones con aminoácidos.

¹¹ La noción del accidente congelado implica que tal vez existieran diferentes sistemas de emparejamientos o “lenguajes” en tiempos remotos, antes de que se estableciera el código actual, pero que toda la vida que conocemos es descendiente de organismos con el mismo sistema. Sarkar (1996, 1997) comenta que aunque en los años cincuenta se intentó descifrar el código usando principios de la teoría de la información (se refiere al trabajo de George Gamow y colaboradores, ver también Kay 1997, 2000), este procedimiento fracasó y finalmente el código se llegó a conocer mediante el trabajo empírico.

Maynard Smith y Szathmary (1995) crearon la distinción entre sistemas de herencia “limitada” e “ilimitada” para distinguir genes y lenguajes de otras formas de herencia. El rango potencialmente ilimitado de variación que permite un sistema modular o secuencial como el genético no es comparable al potencial de otros sistemas de herencia. Este hecho junto a la arbitrariedad de la relación entre genes y proteínas mediada por el código permite a MS hablar del carácter simbólico de los recursos genéticos.

Por otro lado, la tendencia a explicar los procesos vivientes en virtud de los componentes y procesos más básicos trae consigo que en la literatura continuamente se traspase el contexto de aplicación razonable del código para decir que procesos de alto nivel, como rasgos fenotípicos de los organismos multicelulares (color de ojos, forma de las extremidades) o incluso comportamientos (hábitos, preferencias sexuales) están “escritos” en los genes o determinados por ellos. El concepto de código genético está siendo usado para describir y distinguir los caminos causales completos en los que los genes están implicados cuando sólo uno de los pasos, el proceso de construcción de proteínas a partir del ADN, está mediado por el código. Por tanto, se puede decir que esta noción se ha alejado de su contexto teórico original, y fuera del mismo, induce a errores (Godfrey-Smith, 2000). Esto no quiere decir que los genes no tengan un papel causal en la construcción de las características macroscópicas, pero sólo el paso de los ácidos nucleicos a la proteína estaría codificado, el resto no.

Godfrey Smith se pregunta hasta qué punto es fundamental el código genético en su ámbito legítimo de actuación: la traducción de ADN en proteínas. Es decir, ¿sería posible un mundo como el actual sin código genético? Para dirimir esta cuestión, este autor propone un experimento mental. Supongamos que los genes en los cromosomas, en lugar de ser de ADN, estuviesen compuestos por muestras de las proteínas mantenidas en su estructura primaria (lineal), de manera que permitiesen producir copias por molde de sí mismas (probablemente con la ayuda de 20 enzimas conectores para los distintos aminoácidos). En realidad ésta era una de las propuestas teóricas que se manejaban antes del descubrimiento del ADN como material genético. Cuando son requeridas, la célula genera copias de cada proteína que necesita de su repertorio de muestras y puede recurrir a un mecanismo similar para hacer copias de los genes de proteína durante la división celular. Aunque en este caso no tengamos código genético, en opinión de Godfrey Smith todo funcionaría igual, pues una vez la proteína es producida, da igual que esté codificada o que provenga de una muestra. Los “genes de proteína” podrían cumplir con su papel perfectamente sin necesidad de codificar nada. Este experimento mental quiere mostrar que los genes, despojados de una de sus propiedades semánticas, la *noción de código*, no pierden ni ganan poder causal.

La información genética no codifica rasgos de alto nivel en el organismo, sólo la secuencia unidimensional de las proteínas. Pero incluso en este contexto, los genes, por sí mismos, no contienen información sobre las proteínas, hace falta todo el aparato de interpretación celular para poder interpretar esa información y no podemos decir que ésta preexista en las secuencias del ADN. Este argumento sería en términos más comunes, el mismo que el que dice que un libro de por sí no contiene información alguna; ni un chimpancé, ni un extraterrestre, ni un ordenador puede entenderlo, porque

ninguno dispone del contexto de interpretación. El ADN sólo sirve para construir proteínas en el contexto celular adecuado. De hecho ni siquiera puede asegurarse que la secuencia de ADN se corresponda con la secuencia de la proteína, por la edición del ARN.

Por tanto, la noción de código parece impuesta por los hechos de la biología molecular en lo que se refiere a la relación entre ácidos nucleicos y proteínas, y para algunos autores éste es una clave para entender la capacidad para evolucionar. Ahora bien, es un error extrapolar la relación de codificación para afirmar que el camino causal completo que empieza por los genes está codificado.

4.2. Programa de desarrollo

El segundo rasgo de carácter semiótico asociado con la información genética es la noción de “programa genético” (también referido a veces como “programa de desarrollo”). Esta idea surgió de los trabajos sobre cómo se regula la expresión de la información en las diferentes células. El modelo del operón lactosa, propuesto por Jacob y Monod en 1961, mostraba que las propias proteínas expresadas funcionan como interruptores que pueden activar (inductoras) o desactivar (represoras) la transcripción de otros genes. Esta característica sirvió para hablar de una “autorregulación” de la expresión genética. Desde los experimentos iniciales las pruebas de existencia de jerarquías en el genoma se han multiplicado. Un ejemplo sugestivo lo proporcionan los experimentos realizados con el gen *eyeless*, que al ser transferido de un ratón a la mosca drosófila empieza la construcción de un ojo, no de ratón sino de mosca. Esto indica que este gen ha evolucionado con el objetivo de regular la expresión de otros genes, independientemente de la especie a la que estos correspondan, de forma que en el contexto de un genoma de mosca, el gen regula la expresión de los genes que participan en la construcción de un ojo compuesto propio de los insectos, mientras que en el de un mamífero el órgano que se construye es el de mamífero (Maynard Smith 2000b). El ejemplo también revela, claro, que la morfología que se desarrolla no depende exclusivamente de los genes y que la acción de éstos está supeditada al contexto.¹²

Aunque es fácil entender este tipo de datos como pruebas de la existencia de un programa genético, no está tan claro que el desarrollo dependa sólo de instrucciones del genoma. Un problema de la expresión “programa genético” es que da la impresión de que la iniciativa y la dirección del desarrollo de un organismo es genética, cuando cada vez está más probado que los factores citoplasmáticos, así como los extracelulares, tienen tanta importancia o más en determinados aspectos del desarrollo. Por esta razón, Keller (2000) contrapone la noción de “programa genético” con la de “programa de desarrollo”. ¿Una cuestión de nombre? No sólo. En opinión de esta investigadora, mientras la noción de programa genético tira de la metáfora del ordenador y

¹² La escuela denominada “estructuralismo” (Goodwin, 1994; Webster and Goodwin 1996) o “internalismo” (Alberch 1989) considera que los genes en absoluto especifican la morfología, sólo proporcionan condiciones de contorno que regulan los procesos dinámicos que son los verdaderos responsables de los mismos. Muchos de los seguidores de la disciplina llamada evo-devo piensan en términos parecidos.

acepta la analogía del genoma como software y el soma como hardware (que se va construyendo y modificando siguiendo las reglas indicadas por aquel), la expresión “programa de desarrollo” apela a un proceso que comienza con el huevo fertilizado completo. Desde esta interpretación se podría argumentar que el genoma no funciona como programa, sino más bien como una serie de datos que se aportan al programa de desarrollo (Atlan and Koppel 1990).

En realidad, la profunda naturaleza recursiva de la maquinaria genética hace posible realizar diferentes interpretaciones de su funcionamiento haciendo uso de conceptos computacionales (Hofstadter 1987). Se puede considerar que el ADN contiene información para regir la construcción de las proteínas, las cuales son los agentes activos de la célula, por lo que puede ser visto como un programa ejecutado por proteínas. Pero como el ADN es una molécula pasiva, utilizada por diversos tipos de enzimas, también puede interpretarse como un conjunto de datos. Esta apertura a la interpretación se traslada a las proteínas, ya que son moléculas activas, que realizan todas las funciones de la célula, por lo tanto podrían ser consideradas como programas que se ejecutan en el hardware celular, donde la célula misma tendría el papel de procesador. Es más, a menudo las proteínas son modificadas por otras proteínas, lo cual significa que, en tales casos, las proteínas funcionan como datos. Tenemos luego a los ribosomas que podemos considerar como procesadores, las moléculas de ARNt que jugarían el papel de datos, etc, etc. Este tipo de análisis permite apreciar la complejidad de las relaciones internivélicas que se dan en la célula, en la que sus componentes modifican y son modificados, construyen y son construidos, son fines y medios, en una dependencia causal inherente a los sistemas biológicos. Aunque la metáfora del ordenador puede ser ilustrativa de algunas de las relaciones celulares, no podemos decir que dé una imagen “correcta” o unívoca de las mismas. La idea de programa puede servirnos, pero hay que ser consciente de sus limitaciones, pues, en todo caso, sería un programa que se programa a sí mismo, que se construye en su propia ejecución.¹³

Además, el desarrollo de los organismos es un proceso estable y regular, pero afectado y modulado por muchos factores, que ni siquiera se limitan al nivel celular, del que los genes son producto. La pregunta por la validez del concepto de información semántica en biología debe responderse teniendo en cuenta esta complejidad.

5. Naturaleza y función de la información genética

Podríamos hablar de un sentido fuerte y otro débil del uso del concepto de información en biología. El sentido débil se refiere a una covariancia entre las estructuras genéticas (por ejemplo, determinadas secuencias) y las estructuras fenotípicas (por ejemplo, determinadas proteínas), pero sin implicar que haya una relación semántica entre

¹³ “Para llegar a ser un embrión, tuviste que construirte a tí mismo de una sola célula. Respirar antes de tener pulmones, digerir antes de tener estómago, construir huesos cuando eras de pulpa, y formar ordenadamente patrones neuronales antes de aprender a pensar. Una de las diferencias críticas entre tú y una máquina es que a la máquina nunca se le pide que funcione antes de que esté construida. Todo animal tiene que funcionar mientras se construye a sí mismo.” (Gilbert 1997, pág. 1).

ellas (un propósito en la utilización del signo), sino que la variación de una de las partes nos informa de una variación en otra parte. Este sentido débil es el que la DST considera que puede “democratizarse”. El sentido fuerte, por el contrario, sugiere la existencia real de un fenómeno de carácter semántico en el seno de la organización viviente (y una distinción entre componentes informacionales y causales).

El problema es que la teoría matemática de la información no permite fundamentar una semántica. En consecuencia, algunos críticos han señalado que no sirve para hacer una distinción entre recursos portadores de información (por ejemplo, los genes) y el ambiente, debido a su simetría.¹⁴ El concepto matemático de información, derivado de la teoría de la comunicación de Shannon, nos dice que un suceso lleva información sobre otro en la medida en que esté correlacionado con él. Si los estados de algún X están correlacionados con los estados de algún Y, entonces X lleva información sobre Y. La transmisión de información matemática es una cuestión de dependencia sistemática de un sistema con respecto a otro y, por lo tanto, la relación de transmisión de información es simétrica. Si X lleva información sobre Y, Y lleva la misma información sobre X.

A partir de esta simetría, y en virtud de la antes mencionada tesis de paridad, la DST considera que es igualmente posible decir que los genes o el entorno portan información. Si se considera el entorno como una condición de contorno fija, los genes llevan información sobre características fenotípicas. Pero, de la misma manera, el entorno lleva información sobre los fenotipos, si son los factores genéticos la condición de contorno o canal. Igualmente podríamos pensar que los fenotipos llevan información sobre las condiciones ambientales.

En consecuencia desde la perspectiva de la DST, tenemos dos alternativas (Griffiths y Gray 1994). Podemos pensar que todo el conjunto de recursos de desarrollo contiene información sobre el organismo. Desde este punto de vista tendríamos una simetría causal en el papel de los diferentes recursos, sin poder considerar a unos como portadores de información y a otros como condiciones de contorno sobre los que la información es leída. La otra alternativa consiste en considerar un recurso como portador de información y los restantes como condiciones de contorno. Pero desde esta posición, debido a la simetría del concepto de información, podemos considerar a cualquier recurso como fuente de información, por lo que no podemos deducir la prioridad causal de los genes. Basándose en esta reflexión, los defensores de la DST consideran que la única descripción adecuada de las fuentes de información presentes en un proceso de desarrollo consiste en la descripción de *todos* los recursos.

Para Maynard Smith (2000a) esto genera una dificultad, y por eso él presenta un concepto de información que permitiría dar cuenta de una dicotomía, que los anteriores rechazan, entre portadores de información y otros recursos. Los genes serían portadores de información porque deben su forma a su función (ésta es una idea que también maneja Sterelny 2000), cosa que no sucedería con las causas ambientales. Una nube oscura, por ejemplo, nos aporta información sobre la posibilidad de que llueva,

¹⁴ Sterelny y Griffiths (1999) hablan de un concepto causal y otro intencional de la información.

pero no tiene esa forma por el hecho de que nos aporte información. Sin embargo un pronóstico meteorológico en televisión nos da información sobre el mismo evento, pero en este caso el pronóstico sí debe su forma a su función, es decir, la de informarnos sobre las condiciones meteorológicas. Maynard Smith habla en este caso de información intencional: así como el pronóstico, a diferencia de la nube oscura, carece de por sí de causalidad intrínseca y lo que aporta es información, los genes aportan información al organismo porque han sido “esculpidos” por un proceso de selección natural, que, por tanto, puede considerarse intencional.¹⁵ Esta visión descansa en la consideración de que la selección natural es equiparable de algún modo al diseño consciente: si no en el proceso mismo (ya que es ciego), sí en los resultados.¹⁶ La selección natural es la que “escoge” genes que especifican proteínas con “sentido”, es decir, proteínas que funcionan de modo que favorecen la supervivencia del organismo.¹⁷

La consideración semántica (desde el punto de vista de Maynard Smith) descansa en estas tres características: *arbitrariedad* (código arbitrario), *funcionalidad* (el genoma ha evolucionado con la función específica de guardar cierta información de cierta manera; no sólo las secuencias de genes, sino todo el aparato de transcripción, traducción, corrección de errores, edición de secuencias, etc., ha sido seleccionado para cumplirla) e *intencionalidad* (la selección natural como agente que diseña de forma ciega las secuencias genéticas gracias a la reproducción diferencial de aquellas variantes surgidas al azar que contribuyen mejor a la adaptación de los organismos).

Esta posición tiene el problema de que considera que la información genética es algún tipo de “primitivo”: su función parece preceder a la evolución de algún tipo de sistema autónomo que pudo empezar a utilizarla, y se considera como un principio del que emana, vía selección natural, la adaptación de los organismos. Explota la analogía con el lenguaje humano, pero parece considerar que el sentido o el significado del

¹⁵ “Voy a argumentar que la distinción sólo puede justificarse si el concepto de información se usa en biología sólo para aquellas causas que tengan la propiedad de la intencionalidad. En biología el que el enunciado A lleve información sobre B quiere decir que A tiene la forma que tiene porque lleva esa información. Una molécula de ADN tiene *una secuencia particular* porque especifica una proteína particular, pero una nube no es negra porque prediga la lluvia. Este elemento de intencionalidad procede de la selección natural” (Maynard Smith 2000a, pág. 190).

¹⁶ “Si hay información en ADN, copiada en el ARN, ¿cómo llegó ahí? ¿hay alguna analogía entre la información en el ADN y en el código de Morse? Quizás la haya. En el lenguaje humano, el primer “codificador” es la persona que convierte un significado en una cadena de fonemas, que luego se convierten en el código de Morse. En biología el codificador es la selección natural. Este paralelismo puede parecer exagerado, o incluso falso, a un neodarwinista. Pero es la selección natural la que en el pasado produjo la secuencia de bases, de entre muchas secuencias posibles, que (...) especifica una proteína que tiene un “significado” en el sentido de que funciona de tal manera que favorece la supervivencia del organismo. Donde el ingeniero ve diseño, el biólogo ve selección natural” (Maynard Smith 2000a, pág. 179).

¹⁷ “El genoma es como es debido a millones de años de selección, que han favorecido a aquellos genomas que causan el desarrollo de organismos capaces de sobrevivir en determinados entornos. Como resultado, el genoma tiene la secuencia de bases que tiene porque genera un organismo adaptado. Es en este sentido que los genomas tienen intencionalidad” (Maynard Smith 2000a, p. 193).

mismo está en los signos mismos, y no en la interacción dinámica de su usuario con el medio y otros hablantes.

Por eso, tiene el problema de que justifica la perspectiva “idealizadora” en biología, que tiene dificultades para manejar la complejidad de procesos interrelacionados a diferentes niveles del desarrollo. La distinción entre herencia “limitada” e “ilimitada” que se desprende de este enfoque, como hemos visto en la sección 4.1, soslaya el hecho de que los genes funcionan dentro del contexto del sistema de desarrollo y que la variabilidad es una propiedad de todo el sistema. En una población, ésta se mide por el número de fenotipos diferentes que efectivamente produce, no por el número de combinaciones posibles que permiten su estructura genética. La en principio “ilimitada” variabilidad potencial de los genes está constreñida por el desarrollo (Alberch 1982, 1989; Maynard Smith *et al.* 1985) y dependiendo del sistema en cuestión, multitud de diferentes genotipos pueden converger en un mismo fenotipo. Por otro lado, recursos en principio limitados en cuanto a su capacidad de variar, pueden tener grandes efectos en el desarrollo y el cambio evolutivo, como los propios Maynard Smith y Szathmary sostienen a la hora de explicar algunas de las mayores transiciones evolutivas.

Por tanto, nos encontramos ante una disyuntiva producida por la tensión que tratamos de caracterizar en este trabajo: si aceptamos la tesis de paridad y sólo admitimos la versión “débil” de la información, no podemos especificar la función del genoma dentro de la célula, mientras que, si aceptamos la información intencional que propone Maynard Smith, tenemos que aceptar un concepto de información que no permite avanzar en las concepciones más organicistas (Gilbert & Sarkar 2000).

¿Hay alguna salida? Sí, ya que aquí confluyen dos problemas diferentes: por un lado, si el genoma consiste en información y, por otro, si los genes cumplen un *papel directivo* con respecto a los demás componentes orgánicos o ambientales. Estas dos cuestiones son, creemos, independientes y, en cualquier caso, la aceptación de la primera no nos obliga a aceptar la segunda. Pensamos que no es la analogía informacional la que plantea problemas para la comprensión de la vida y su fenomenología. Lo que verdaderamente causa los problemas es el reduccionismo genético y éste podría mantenerse sin necesidad de la analogía informacional.

Pero es posible mantener una actitud no reduccionista aún cuando se considere que el genoma consista en información. Ciertas presuposiciones sobre la naturaleza de la información, no son necesarias para postular su existencia.¹⁸ Algunas de estas presuposiciones son, por ejemplo, que todas las características del organismo están codificadas en los genes, que cambios en las secuencias producen siempre cambios en los rasgos macroscópicos del organismo, o que si conocemos el conjunto del genoma podemos reconstruir un organismo.

¹⁸ Algo parecido proponen Clark y Toribio (1994) con respecto a la existencia de representaciones internas, un tema muy debatido en la filosofía de la ciencia cognitiva. Ellos mantienen que hay dominios en los que puede postularse la existencia de representaciones internas aunque estas no posean muchos de los rasgos por los que se les critica, es decir, no sean explícitas, ni puedan manipularse literalmente como textos, ni se refieran a conceptos intuitivos que nos resultan familiares.

6. *Semántica y excepcionalidad*

La información no especifica la naturaleza de un organismo, sino que éste la usa para su propio automantenimiento y reproducción (en conjunción con otros componentes cuya función es distinta pero que son relevantes causalmente).

El trabajo de Pattee es bastante acorde con este planteamiento (ver también Umez 2001). Pattee (1977) ha propuesto la distinción de dos tipos de entidades en la célula: constricciones y símbolos.¹⁹ Las constricciones son estructuras materiales capaces de acción causal local: congelan grados de libertad que las leyes dejan abiertos (como el plano inclinado de Galileo) y así establecen ciertas condiciones iniciales específicas para el funcionamiento dinámico. Un ejemplo son los enzimas catalíticos, capaces de acelerar o inhibir ciertas rutas metabólicas de forma que generan una dinámica auto-mantenida por selección de reacciones químicas específicas de entre todas las (químicamente) posibles. Los símbolos son registros que se preservan de forma codificada. No mantienen ninguna relación causal intrínseca o material con su efecto (son arbitrarios) y requieren interpretación para poder surtir (en su forma interpretada) algún efecto causal. Un ejemplo de símbolo sería el ADN en la célula, pero para poder considerar que el ADN contiene información simbólica es preciso tener en cuenta la interpretación de la misma. Esta no es una interpretación que pueda hacerse desde el exterior del sistema en el que la información actúa. Por tanto, ninguna secuencia contiene información por sí misma, y ésta sólo es operativa (sólo constituye un mensaje) en el marco de la célula (un sistema global y autónomo en el que se interpreta esta información). La mutua complementariedad entre símbolos y sistemas dinámicos que los interpretan explica la autonomía del proceso.

Como parte integrante de la célula la información 1) posibilita la construcción de proteínas (a veces diferentes a partir de la misma secuencia de ADN debido a la “edición” del ARN), 2) es un dominio relativamente inerte (no es alterado por la dinámica celular), cuya acumulación es relativamente poco costosa (hay muchos procesos de adquisición de información, no sólo vertical o heredada por medio de la reproducción sexual, sino horizontal en forma de intercambio o apropiación de secuencias de otro organismos) y 3) su organización en la evolución ha dado lugar a diferentes niveles de complejidad.²⁰ El genoma no tiene una función dinámica dentro de la célula o del organismo como otros componentes celulares puedan tenerlo (catalizar reacciones, almacenar energía, etc.), sino que su función es la de almacenar secuencias. Ahora bien, podemos decir que la célula, como sistema autónomo, confiere una semántica a la información mediante el conjunto de los procesos metabólicos que la interpretan, procesos recursivos y autorreferenciales.

¹⁹ En Etxeberria y Moreno (2001) hacemos una distinción más fina, entre constricciones, registros y símbolos.

²⁰ Maynard Smith y Szathmary (1995) explican la evolución de la vida en la Tierra en función de “transiciones” abruptas motivadas por las diferentes formas de organización posibilitadas por diferentes formas de uso de la información.

La influencia de la imagen de la información genética como “libro de la vida” es tal que se ha popularizado la creencia de que tiene un valor especial o excepcional para el estudio de la vida o su posible manipulación. Así, se considera un dominio relevante para el diagnóstico y curación de enfermedades, un elemento susceptible de ser considerado privado y confidencial, una propiedad con un valor de cambio (como se ve con la cuestión de las patentes de secuencias), un factor que requiere el establecimiento de cierta legislación, etc. Todos estos ámbitos, y otros muchos, generan cuestiones prácticas importantes que cuestionan la excepcionalidad de los genes con respecto a otros factores (Lewens 2002; Murray 1997).

Proponemos deshacernos de algunas presuposiciones problemáticas y ligadas a concepciones reduccionistas sobre la naturaleza de la información genética, tales como:

1. *Prioridad de la información sobre el organismo.* La idea de que la organización biológica derive de la información. Su influencia es, por ejemplo, patente cuando en los estudios del origen de la vida se ha priorizado el estudio de la evolución molecular de ácidos nucleicos ante el de la constitución de los primeros sistemas autónomos (para la que la información no es en principio necesaria). En este contexto es donde puede parecer que la información determina las características del individuo adulto si no se tiene en cuenta el papel dinámico del resto del sistema.
2. *Evolución como diseño de genomas.* Las posiciones darwinistas extremas inducen a pensar que la variabilidad genética, potencialmente infinita, debe dar lugar a una variedad igualmente grande de organismos. Pero esto no es así, las formas que vemos en la naturaleza son sólo una ínfima parte de las posibles. Las constricciones del desarrollo, es decir los sesgos en la producción de variantes fenotípicas o limitaciones en la variabilidad fenotípica causados por la estructura, función y dinámica del sistema de desarrollo (Maynard Smith *et al.* 1985), ejercen un fuerte papel limitativo en este sentido.
3. *Información genética intencional o con contenido semántico intrínseco.* No sólo las secuencias genéticas son moldeadas por la selección natural (y otras fuerzas evolutivas), sino todo el organismo, en todo su ciclo vital. Por ello, el significado no reside en la secuencia misma, sino en el sistema completo.

7. Conclusión

En este trabajo hemos tratado de caracterizar la tensión entre la necesidad de superar la visión de la vida que fundamenta toda la causalidad en los genes y que tiene problemas para explicar los procesos biológicos en su base material y dinámica, y las críticas eliminativistas al concepto de información que se justifican en el rechazo de esa visión idealizada.

Las críticas a la noción de información han permitido matizar argumentos y ahondar en posiciones pluralistas, han promovido la necesaria cautela a la hora de usar términos informacionales en biología y contribuido a fomentar el desarrollo teórico en

este campo. Sin embargo, también han desestimado el papel de la información en biología de forma tal vez precipitada, pues ésta no sólo ha servido históricamente para afianzar proyectos de carácter reduccionista, sino que ha permitido profundizar en la comprensión de la organización biológica y en las diferencias que existen entre los seres vivos y los sistemas inanimados (baste recordar los trabajos de la biología teórica, por ejemplo los recogidos en Waddington 1976). Es precisamente en este punto, en la definición de vida, donde el concepto de información es ineludible pues constituye la clave que distingue el dominio físico-químico del viviente.

Si el concepto de información es insatisfactorio, es posible que aún sea necesario profundizar en la investigación sobre cuáles son sus propiedades características en un contexto dinámico como el viviente. Por esta razón, nuestro rescate de la noción de información no debe entenderse como un reconocimiento de teorías idealizadas de lo vivo, sino como una confianza en el avance de programas de investigación basados en el organismo.

REFERENCIAS

- Alberch, P. (1982). "Developmental constraints in evolutionary processes", en J.T. Bonner (ed.), *Evolution and development*. Berlín: Springer-Verlag, pp. 313-332.
- (1989). "The logic of monsters: Evidence for internal constraints in development and evolution", *Geobios* 12, 21-57.
- Atlan, H., and M. Koppel (1990). "The cellular computer DNA: program or data", *Bulletin of Mathematical Biology* 52 (3), 335-343.
- Barbieri, M. (en prensa). "Biology with information and meaning", *History and Philosophy of the Life Sciences*.
- Beurton, P.J.; R. Falk and H.J. Rheinberger (eds.) (2000). *The concept of the gene in development and epistemological perspectives: Historical and epistemological perspectives*. Cambridge: Cambridge University Press.
- Bowler, P. (1983). *Evolution: The history of an idea*. Berkeley: University of California Press.
- Cairns, J.; G.S. Stent and J.D. Watson (eds.) (1966). *Phage and the origins of Molecular Biology*. Cold Spring Harbor: Cold Spring Harbor Laboratory of Quantitative Biology.
- Clark, A., and J. Toribio (1994). "Doing without representing?", *Synthese* 101, 401-431.
- Crick, F.H.C. (1958). "On Protein Synthesis", *Symposium of the Society for Experimental Biology* 12, 138-163.
- Dawkins, R. (1976). *The Selfish Gene*. Oxford: Oxford University Press.
- (1982). *The Extended Phenotype*. Oxford: Oxford University Press.
- Eldredge, N., and S. Salthe (1984). "Hierarchy and evolution", en R. Dawkins and M. Ridley (eds.), *Oxford surveys in evolutionary biology*. Oxford: Oxford University Press, pp. 184-208.
- Emmeche, C. (1999). "The Sarkar Challenge to Biosemiotics: Is there any information in the cell?", *Semiotica* 127 (1/4), 273-293.
- Ettxeberria, A., and A. Moreno (2001). "From complexity to simplicity: Nature and Symbols", *Biosystems* 60 (1-3), 143-157.
- Gilbert, S.F. (1982). "Intellectual traditions in the Life Sciences: Molecular Biology and Biochemistry", *Perspectives in Biology and Medicine* 26 (1), 151-162.
- (1997). *Developmental Biology*. Sunderland (MA): Sinauer, 5th ed.
- and S. Sarkar (2000). "Embracing complexity: Organicism for the 21st century", *Developmental Systems* 219, 1-9.
- Godfrey-Smith, P. (2000). "On the theoretical role of 'Genetic Coding'", *Philosophy of Science* 67, 26-44.
- Goodwin, B. (1994). *How the leopard changed its spots*. London: Weidefeld & Nicolson.
- Grene, M. (1987). "Hierarchies in biology", *American Scientist* 75, 504-509.
- Griesemer, J.R. (1992). "The informational gene and the substantial body: On the generalization of evolutionary theory by abstraction". Manuscrito no publicado.

- Griffiths, P.E. (2001). "Genetic information: A metaphor in search of a theory", *Philosophy of Science* 68, 394-412.
- and R.D. Gray (1994). "Developmental systems and evolutionary explanation", *Journal of Philosophy* 91, 277-304.
- and R.D. Gray (2001). "Darwinism and developmental systems", en S. Oyama, P.E. Griffiths and R.D. Gray (eds.), *Cycles of contingency: Developmental systems and evolution*. Cambridge: MIT Press, pp. 195-218.
- and E.M. Neumann-Held (1999). "The many faces of the gene", *Bioscience* 49 (8), 656-662.
- Hall, B.K., and W.M. Olson (eds.) (2003). *Keywords and concepts in Evolutionary Developmental Biology*. Cambridge (MA): Harvard University Press.
- Hull, D. (1980). "Individuality and selection", *Annual Review of Ecological Systems* 11, 311-332.
- Hofstadter, D.R. (1987). *Gödel, Escher, Bach*. Barcelona: Tusquets Editores.
- Huxley, J. (1942). *Evolution: The modern synthesis*. London: Allen and Unwin.
- Jablonka, E., and M. Lamb (1995). *Epigenetic inheritance and evolution: The Lamarckian dimension*. Oxford: Oxford University Press.
- Judson, H.F. (1979). *The Eighth Day of Creation. The makers of the revolution in Biology*. New York: Simon and Schuster.
- Kay, L.E. (1997). "Cybernetics, information, life: The emergence of scriptural representations of heredity", *Configurations* 5, 23-91.
- (2000). *Who wrote the Book of Life: A history of the Genetic Code*. Stanford: Stanford University Press.
- Keller, E.F. (2000). *The century of the gene*. Cambridge (MA): Harvard University Press.
- Lewens, T. (2002). "Development aid: on ontogeny and ethics", *Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences* 33, 195-217.
- Maienschein, J. (1992). "Gene: Historical perspectives", en E.F. Keller and E.A. Lloyd (eds.): *Keywords in evolutionary biology*. Cambridge (MA): Harvard University Press, pp. 122-127.
- Maynard Smith, J. (1986). *The problems of Biology*. Oxford: Oxford University Press.
- (2000a). "The concept of Information in Biology", *Philosophy of Science* 67 (2), 177-194.
- (2000b). *La construcción de la vida: genes, embriones y evolución*. Barcelona: Crítica.
- , R. Burian, S. Kauffman, P. Alberch, J. Campbell, B. Goodwin, R. Laude, D. Raup and L. Wolpert (1985). "Developmental constraints and evolution: A perspective from the Mountain Lake Conference on development and evolution", *Quarterly Reviews of Biology* 60, 265-287.
- and E. Szathmari (1995). *The major transitions of evolution*. Oxford: W.H. Freeman.
- Mayr, E. (1982). *The growth of biological thought. Diversity, evolution and inheritance*. Cambridge (MA): Harvard University Press.
- Müller, G.B., and S.A. Newman (eds.) (2003). *Origination of organismal form. Beyond the gene in Developmental and Evolutionary Biology*. Cambridge (MA): MIT Press.
- Morange, M. (1998). *A history of Molecular Biology*. Cambridge (MA): Harvard University Press.
- Murray, T. (1997). "Genetic exceptionalism and future diaries: Is genetic information different from other forms of medical information?", en M. Rothstein (ed.): *Genetic secrets: Protecting privacy and confidentiality*. New Haven: Yale University Press, pp. 60-76.
- Olby, R. (1974). *The path to the double helix. The discovery of DNA*. New York: Dover.
- Oyama, S. (1985). *The ontogeny of information*. Cambridge: Cambridge University Press.
- (2000). "Causal democracy and causal contributions in DST", *Philosophy of Science* 67 (Proceedings), 332-347.
- , P.E. Griffiths and R.D. Gray (eds.) (2001). *Cycles of contingency: Developmental systems and evolution*. Cambridge (MA): MIT Press.
- Pattee, H.H. (1977). "Dynamic and linguistic modes of complex systems", *Int. J. General Systems* 3, 259-266.
- Sarkar, S. (1996). "Biological information: A skeptical look at some central dogmas of molecular biology", en S. Sarkar (ed.): *The philosophy and history of molecular biology: new perspectives*. Dordrecht: Kluwer.
- (1997). "Decoding "coding" – Information and DNA", *Bioscience* 46 (11), 858-864.
- (1998). *Genetics and reductionism*. Cambridge: Cambridge University Press.

- Schrödinger, E. (1944). *What is Life?* Cambridge: Cambridge University Press. [Trad. cast.: *¿Qué es la vida?* Barcelona: Tusquets, 1984].
- Sterelny, K. (2000). "The 'Genetic Program' Program: A Commentary on Maynard Smith on Information in Biology", *Philosophy of Science* 67 (2), 195-201.
- and P.E. Griffiths (1999). *Sex and Death. An Introduction to Philosophy of Biology*. Chicago: The University of Chicago Press.
- Stuart, C. (1985a). "Physical models of biological information and adaptation", *Journal of Theoretical Biology* 113, 441-454.
- (1985b). "Bio-informational equivalence", *Journal of Theoretical Biology* 113, 611-636.
- Umerez, J. (2001). "Howard Pattee's Theoretical Biology. A radical epistemological stance to approach life, evolution and complexity", *Biosystems* 60 (1-3), 159-177.
- Varela, F. (1979). *Principles of Biological Autonomy*. New York: Elsevier North Holland.
- Wheeler, M., and A. Clark (1999). "Genic representation: reconciling content and causal complexity", *British Journal of Philosophy of Science* 50, 103-135.
- Watson, J.D., and F.H.C. Crick (1953). "Genetical implications of the structure of Deoxyribose Nucleic Acid", *Nature* 171, 964-967.
- Waddington, C.H. (ed.) (1976). *Hacia una Biología Teórica*. Madrid: Alianza, pp. 277-280.
- Yoxen, E.J. (1979). "Where does Schroedinger's "What is Life?" belong in the history of Molecular Biology?", *History of Science*, 17, 17-52.

Arantza ETXEBERRIA AGIRIANO es profesora asociada de investigación en el Departamento de Lógica y Filosofía de la Ciencia de la Universidad del País Vasco y miembro de la Unidad de Estudios sobre Ciencia y Tecnología (UPV/EHU-CSIC). Es doctora por la UPV y realizó una estancia postdoctoral en la Universidad de Sussex. Sus principales áreas de interés son la Filosofía de la Biología, Vida Artificial, Filosofía de la Ciencia y Ciencia Cognitiva. Sus publicaciones más recientes pueden encontrarse en las revistas *Biosystems*, *Semiotica*, *Theories in Bioscience*, *Leonardo* y *Artificial Life*.

DIRECCIÓN: Dpto. de Lógica y Filosofía de la Ciencia. Euskal Herriko Unibertsitatea-Universidad del País Vasco. 1249 Posta Kutxa. 20.080 Donostia-San Sebastián. E-mail: ylpetaga@sf.ehu.es.

Tomás GARCIA AZKONBIETA es doctorando en el Departamento de Lógica y Filosofía de la Ciencia de la Universidad del País Vasco y disfruta de una beca predoctoral proporcionada por esta universidad. Su tesis doctoral versa sobre "Aspectos filosóficos del impacto de la auto-organización en la teoría de la evolución" y será defendida en breve.

DIRECCIÓN: Dpto. de Lógica y Filosofía de la Ciencia. Euskal Herriko Unibertsitatea-Universidad del País Vasco. 1249 Posta Kutxa. 20.080 Donostia-San Sebastián. E-mail: ylbgaazt@sf.ehu.es.