

Información biológica

María J. Ferreira Ruiz y María Cerezo

Modo de citar:

Ferreira Ruiz, María J. y Cerezo, María. 2017. "Información biológica". En *Diccionario Interdisciplinar Austral*, editado por Claudia E. Vanney, Ignacio Silva y Juan F. Franck. URL=https://dia.austral.edu.ar/Información_biológica

La biología molecular se desarrolló de la mano de la idea de *información genética*: el ADN almacena información, dicha información se expresa, se lee, se edita, se copia. Desde entonces, este es el modo como los procesos genéticos son descritos o explicados. Sin embargo, no es fácil precisar a qué refiere 'información' en biología. Algunos escépticos han objetado el uso del concepto de información en biología, principalmente buscando evitar la recaída en el determinismo genético y el genocentrismo. Otros, en cambio, se han propuesto salvarlo, intentando precisar su significado y sortear diversas críticas.

El objetivo de esta entrada es presentar el debate actual sobre el uso de descripciones informacionales en biología, especialmente, en contexto genético-molecular. Para ello, definiremos primero el problema atendiendo al origen y aspecto conceptual de la cuestión que se afronta en la entrada (Sección 1). A continuación, mostraremos de qué manera los biólogos emplean estas nociones (Sección 2). En tercer lugar, consideraremos algunas importantes objeciones contra estas nociones, así como ciertas posturas deflacionistas (Sección 3). Finalmente, analizaremos las diversas propuestas filosóficas que defienden el uso de las nociones informacionales, presentando los enfoques como semánticos o como no semánticos (Secciones 4 y 5).

1 Origen y formulación del problema [↑](#)

Durante la primera parte del siglo XX proliferaron distintas teorías de la comunicación y de la información, coincidiendo con la consolidación de los estudios lingüísticos, por una parte, y acompañando y sirviendo los avances tecnológicos en telecomunicaciones, por la otra (Kay 2000; Adriaans 2013). Lily Kay (2000) ha visto en este contexto el establecimiento de un "discurso de la información", vago pero muy generalizado, que caracterizó el imaginario de la época. Sin embargo, 'información' es un término polisemántico (Floridi 2014) que plantea interrogantes filosóficos, como *qué es la información*, de difícil abordaje, puesto que el concepto aparece en los más variados contextos, trascendiendo los dominios de la lingüística y las comunicaciones, ha permeado los dominios de la física, la ética, la estética, y la psicología, entre otros.

El concepto de información aparece también en diversas subdisciplinas de la biología. En biología celular, ciertas reacciones se conciben en términos de *comunicación celular*. En efecto, se afirma que las células se comunican entre sí enviando y recibiendo *señales* químicas mediadas por ciertas moléculas extracelulares, formando complejos *sistemas de señalización*. Una célula receptora utiliza una señal para modificar su comportamiento, por ejemplo, para producir o dejar de producir determinada proteína, entre otras cosas (Alberts *et al.* 2010; Gilbert 2010). En ecología, la teoría matemática de la comunicación formulada por Claude Shannon (1948) (mejor conocida como "teoría de la información") se utiliza para calcular la diversidad de especies en una comunidad dada, lo que se ha denominado 'índice de Shannon' (Begon *et al.* 2006). La idea es que la diversidad en un sistema natural puede ser medida de un modo similar a como se mide la información contenida en un mensaje (Magurran 2004). Por su parte, ciertos comportamientos animales son conceptualizados en términos de *comunicación animal*. Por ejemplo, se dice que los pulsos de luz de las luciérnagas macho revelan información a las hembras acerca de su posición, de su estado y de la identidad de su especie (Stegmann 2013b). A mayor escala, los biólogos evolutivos Eörs Szathmáry y Maynard Smith (1995) han concebido la evolución como un proceso de acumulación de información y de generación de modos de transmitirla, que fueran cada vez más estables y poderosos. De acuerdo con estos autores, muchas de las grandes transiciones en la evolución de los seres vivos involucraron la creación de nuevos modos de transmitir información de



generación en generación. La transición a un sistema de herencia basado en el ADN sería un ejemplo de estos nuevos modos de transmisión.

Sin embargo, es en el contexto de la biología molecular donde el concepto de información parece gozar de un protagonismo diferencial cuando se emplea para describir a los genes y a los procesos genéticos (y es, por tanto, a lo que prestaremos mayor atención en esta entrada). Mientras que, en ecología, por ejemplo, el concepto de información tiene un carácter más bien instrumental (en tanto la teoría de Shannon proporciona un método de cálculo, entre otros índices utilizados), en biología molecular parece ser mucho más constitutivo. En efecto, el concepto de información ha sido empleado en la biología molecular desde sus mismos comienzos y aparece en sus formulaciones teóricas más importantes. En su artículo de 1958, "On Protein Synthesis", Francis Crick usó el término 'información' para referirse a la *especificidad* de la acción de los genes para determinar el orden lineal de los componentes de otras macromoléculas. De acuerdo con el *dogma central de la biología molecular*:

"Una vez que la información ha pasado a la proteína, no puede volver a salir. Más detalladamente, la transferencia de información de ácido nucleico a ácido nucleico, o de ácido nucleico a proteína, puede ser posible, pero la transferencia de proteína a proteína, o de proteína a ácido nucleico, es imposible. Información significa aquí la precisa determinación de la secuencia de las bases en el ácido nucleico o bien de los residuos de aminoácidos en la proteína" (Crick 1958, 153).

Desde entonces, el concepto de información pasó a formar parte del vocabulario estándar y del modo habitual de concebir los procesos genéticos, dándose así el *giro informacional* en biología (Griffiths y Stotz 2013). De acuerdo con las teorías iniciales de la biología molecular, toda la información hereditaria reside en la secuencia de ADN de los organismos, esta información se transfiere desde el ADN al ARN mediante el proceso de *transcripción*, y del ARN a las proteínas mediante el proceso de *traducción* (Crick 1958; Alberts *et al.* 2010). François Jacob sintetizaba así el estado del conocimiento acerca de la herencia biológica en aquella época:

"La imagen que describe mejor nuestro conocimiento de la herencia es la de un mensaje químico. Un mensaje escrito no en ideogramas, al estilo chino, sino en un alfabeto (...). La traducción de la secuencia nucleica en secuencia proteica se parece a la conversión de un mensaje escrito en Morse, que no adquiere sentido hasta que se descifra y se escribe, por ejemplo, en castellano. Esta conversión se efectúa mediante un 'código' que da la equivalencia de los signos entre los dos alfabetos" (Jacob 1999 [1970], 257).

Además de esta idea de información genética en biología molecular, y de manera vinculada con ella, distintos aspectos del proceso ontogenético del organismo, como la diferenciación celular y la morfogénesis, han sido concebidos en términos de la ejecución de un 'programa' del desarrollo, contenido ya en el genotipo (Jacob 1999 [1970]); Gilbert 2010).

Sin embargo, como adelantamos, la presencia del concepto de información no viene acompañada de precisión y claridad conceptual. La biología no cuenta con una definición teórica unívoca y aceptada de 'información', ni con nada parecido a una teoría biológica de la información. Parece que 'información' aquí no refiere meramente a un conjunto de datos que resultan informativos para el investigador, un observador inteligente. En todo caso, se trata de una información que es "usada" por el sistema mismo, la célula. Pero tampoco parece referir a alguna especie de sustancia que componga a los seres vivos. Pero, entonces, ¿a qué refiere?

El problema de la información genética presenta también algunas peculiaridades histórico-políticas que tienen que ver con las condiciones tecnológicas, políticas y militares, que pusieron a la información en el centro del imaginario del siglo XX (estas peculiaridades no se tratarán en esta entrada, aunque se puede consultar Kay 2000, para un abordaje en esta línea). La dimensión fundamental del problema, y que aquí nos ocupa, es de índole conceptual y gira en torno a la pregunta "*¿qué significa, en biología, la afirmación de que los genes contienen información?*".

El problema conceptual es fundamentalmente un problema de *elucidación*: queremos saber en qué sentido un gen contiene información y en qué consiste esa información. Pero en esta cuestión fundamental hay dos aspectos importantes en juego:

a) Un problema de *justificación*: ¿Está justificado el uso de nociones informacionales en biología? Podría suceder

que fuesen expresiones sinonímicas de otros conceptos y que entonces fueran prescindibles, o que incluso condujera a ideas distorsionadas o inaceptables sobre los genes (tal como objetan sus críticos). Por estos u otros motivos, podría no haber una buena razón para continuar hablando de ‘información’.

b)Un problema de *criterio*: Los genes han sido caracterizados como unidades de información, introduciendo, con ello, una distinción entre éstos y otros agentes causales biológicos que podría ser desafiada. Necesitamos un criterio para afirmar que una entidad biológica porta información mientras que otras no lo hacen. ¿Por qué es correcto decir que el ADN codifica una secuencia de aminoácidos de una proteína, pero no es correcto, en cambio, decir que una enzima, que participa del mismo proceso de síntesis, codifique esta misma proteína?

Asimismo, otras cuestiones interesantes y más específicas se derivan de las distintas posturas frente al problema fundamental:

a)*Cuestión del dominio*: ¿Cuál es el dominio de las entidades informacionales? ¿Qué entidades pertenecen al conjunto de las entidades informacionales? Algunos defienden la exclusividad informacional del ADN, mientras que otros admiten otras entidades no genéticas como portadoras de información.

b)*Cuestión del alcance*: ¿Cuál es el alcance de la información? La información puede ser concebida como acerca de los efectos más inmediatos de las entidades informacionales (por ejemplo, productos moleculares) o acerca de sus efectos más remotos (por ejemplo, rasgos fenotípicos complejos).

c)*Cuestión de la relación*: ¿Cuál es la naturaleza de la relación informacional? Algunos conciben la información biológica como algo de carácter semántico, en tanto que para otros se trata de algo no semántico.

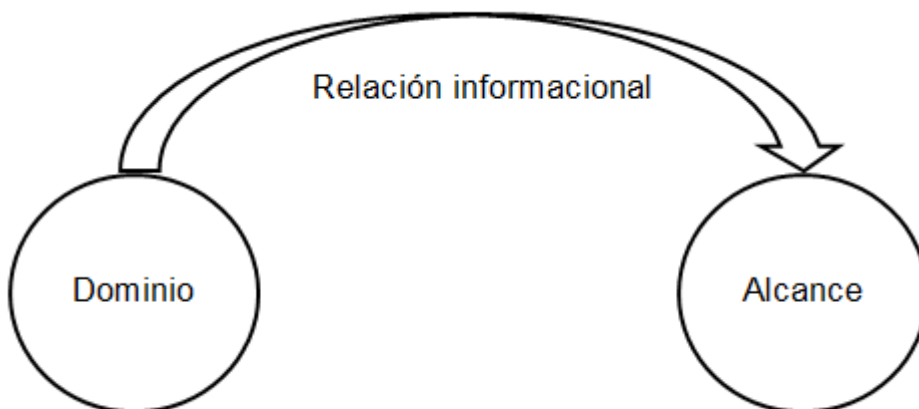


Figura 1: Las cuestiones del dominio, el alcance y la naturaleza de la relación informacional.

Cada enfoque constituye una respuesta a los problemas generales de justificación y criterio, y defiende un determinado dominio de entidades informacionales, un determinado alcance de la información que portan y una determinada concepción de la naturaleza de esa información.

A su vez, la relevancia de la evolución en el estudio de cualquier fenómeno biológico permite relacionar el problema de la información genética con el de la herencia: si toda unidad de herencia es informacional, o si más bien la relación entre ambas nociones tiene un carácter más débil. Algo semejante podría decirse de la selección natural: si hay o no una coincidencia entre unidad de selección y unidad de información. Es interesante advertir, también, que las discusiones filosóficas no se restringen al concepto de información, sino que ocasionalmente se ven involucradas otras nociones que, en mayor o menor medida, están semánticamente emparentadas: códigos, representación, significado, instrucción, lenguaje, señal, etc. (algunas alusiones explícitas a la relación entre algunas de estas nociones aparecerán en el debate).

Esta entrada procederá presentando de la siguiente manera. En primer lugar (sección 2) consideraremos brevemente

los aspectos biológicamente relevantes en la discusión. A continuación, en la sección 3, presentaremos las respuestas negativas que se han dado frente al problema, esto es, aquellas que o bien objetan fuertemente el hablar de ‘información’ en biología, o bien lo relegan a un uso metafórico del lenguaje. Luego, procederemos presentando las diversas posturas positivas tomando la cuestión de la naturaleza de la relación informacional como hilo conductor, esto es, clasificando los enfoques como no semánticos (sección 4) o semánticos (sección 5).

2 Descripciones informacionales en biología molecular [↑](#)

En biología molecular, las descripciones y explicaciones en términos informacionales se extienden en al menos dos direcciones: por un lado, a aspectos estructurales del material genético; por el otro, a sus aspectos procesuales.

En cuanto a su dimensión estructural, el ADN suele definirse como una macromolécula que “almacena” información en la forma de cadenas de nucleótidos. Las cuatro bases nucleotídicas constituyen las “letras” del “alfabeto” genético: timina (T), adenina (A), citosina (C), y guanina (G). En su versión más canónica, un gen molecular es un segmento de cadena nucleotídica asociado a una función (típicamente, la de codificar ARNs y proteínas), aunque coexisten múltiples definiciones y hay un importante debate en torno al concepto de gen (ver, por ejemplo, Gerstein *et al.* 2007 y Rheinberger *et al.* 2015). No todo el ADN se compone de genes así entendidos, sino que existen extensas regiones del mismo que son *no codificantes* y que, hasta hace poco tiempo, se consideraban “basura” porque no se les conocía ninguna función. Actualmente, hay evidencia de que este ADN no codificante tiene funciones diversas (regulación de la expresión génica, protección del ADN, entre otras). A su vez, no todo segmento de un gen interviene en la síntesis de otra molécula, pues los genes eucariotas se componen de exones (zonas codificantes) e intrones (zonas no codificantes), dispuestos alternadamente. Un gen eucariota, además, interactúa a secuencias de ADN regulador, que controla su expresión (Fig. 2):

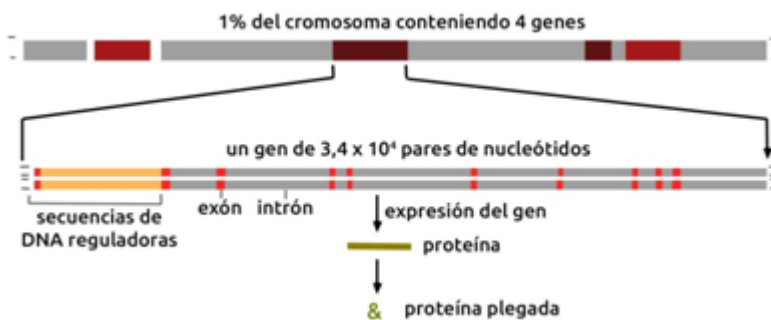


Figura 2: Arriba, genes en una sección de cromosoma; abajo, un gen con sus zonas intrónicas, exónicas y reguladoras.

Los procesos fundamentales en los que interviene el ADN son dos: el mecanismo de síntesis de ARNs y proteínas, mediante el cual la información se expresa, y el mecanismo de replicación, mediante el cual la información se reproduce y transmite. En ambos casos, la cadena de ADN sirve como plantilla para la polimerización de otra macromolécula, complementaria con la cadena parental. La replicación del ADN se produce conforme a una estricta complementariedad de las bases nucleotídicas: A sólo se aparea con T y G sólo con C.

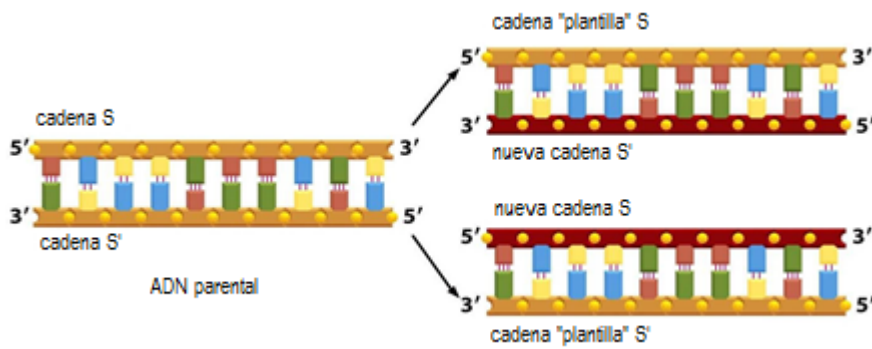


Figura 3: Replicación del ADN. En rojo, la cadena complementaria recién polimerizada. La complementariedad de las bases nucleotídicas está representada en pares de colores (celestes-amarillo; rosado-verde).

En la síntesis de proteínas se distinguen dos etapas: la transcripción y la traducción. En el primer caso, el proceso se asemeja bastante a la replicación, el ADN sirve de plantilla para la polimerización de una molécula de ARN. Antes y durante la traducción, el ARN sufre un proceso de edición en el que, principalmente, los intrones son eliminados y los exones se empalman. Durante la traducción, ocurre un cambio de “lenguaje” molecular, de ácidos nucleicos a aminoácidos, de acuerdo con el código genético. La cadena de ARN es “leída” en los ribosomas y el resultado es una cadena lineal de los aminoácidos que conforman las proteínas.

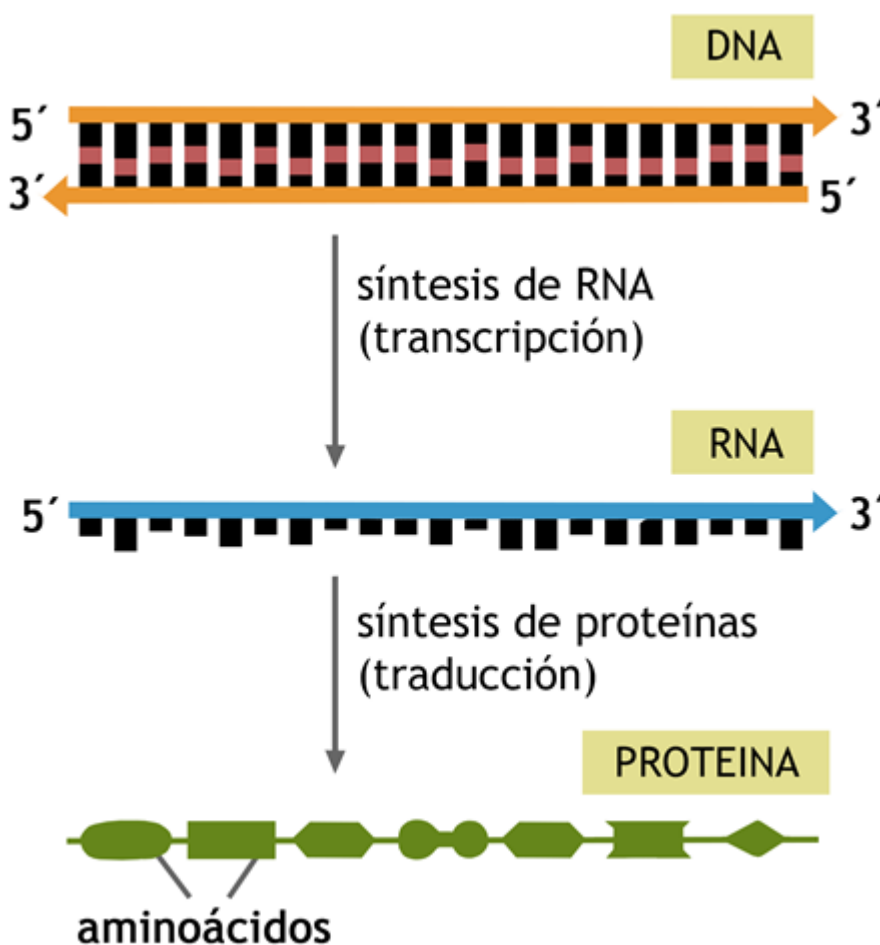


Figura 4: Representación esquemática del proceso de síntesis de proteínas. Arriba, transcripción de ADN a ARN; abajo,

traducción de ARN a proteína.

El proceso de síntesis de proteínas, por otra parte, tiene lugar conforme al código entre codones (combinaciones de tres bases nucleotídicas) y aminoácidos. El código es una relación específica entre codones y aminoácidos, tal que sólo unos pocos codones corresponden a un aminoácido. Cada aminoácido es codificado por un pequeño grupo de codones; por ejemplo, UUU y UUC codifican fenilalanina (Phe). También hay codones de “stop” a los que la maquinaria decodificadora de la célula reacciona deteniendo la lectura de la cadena (Fig.4). Especificidad alude a la exclusividad de los enlaces bioquímicos: cuando sólo una clase de molécula puede enlazarse con otra (por ejemplo, por razones estereoquímicas, es decir, geométricas), el proceso resulta específico. El código es casi fijo e invariante, de modo que en organismos distintos se produce una gran variedad de proteínas siguiendo la misma regla de especificidad que conecta codones con aminoácidos.

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

Figura 5: Tabla del código genético, ordenado por posiciones (primera, segunda y tercera) de las bases nucleotídicas en los codones, que muestra el aminoácido correspondiente a cada codón.

Ahora podemos advertir con más claridad que ciertas características en estos procesos suscitan una analogía fuerte con conceptos como información, lenguaje, código, mensaje, etc., como queda ilustrado en algunas afirmaciones elementales que podemos ver en contextos biológicos:

- Todo organismo vivo posee una molécula que archiva la *información* genética (ADN).
- La *información* genética es algo semejante a una *instrucción* para construir un producto necesario para la célula.
- El *mensaje*, en algunos casos, requiere una *edición* (maduración) antes de ser leído.
- Esa producción implica *transcribir* la *información* a una molécula intermedia (ARN) y luego *traducirla* a un lenguaje de entidades distintas (aminoácidos), siguiendo una tabla de traducciones (*código* genético).
- Existen varios mecanismos de *corrección* de errores de copia.
- *Copias* de esa *información* se pueden generar gracias a que el gen se duplica o replica, y esto permite que otras células hereden estas *instrucciones*.

Tras estas y otras expresiones parecidas subyace un concepto de información indeterminado y parcial que da lugar a lo que llamaremos la *tesis informacional preteórica* (TIP):

TIP: El ADN contiene información en tanto que representa y/o determina componentes o rasgos de los organismos.

No obstante, TIP encierra algunos puntos que no están suficientemente claros y pueden generar confusión. Una



reflexión más sosegada da lugar a interrogantes que pueden motivar las reacciones críticas y deflacionistas a las que prestaremos atención en la siguiente sección. Si se toma la idea del ADN como archivo de la información, del gen como portador de esa información, y de la información como una secuencia determinada de nucleótidos (cf. Alberts et al. 2010), algunos de estos interrogantes son los siguientes. Primero, ¿es discernible en algún sentido el archivo de la información (ADN) de su portador (gen) si el gen no es más que un trozo de ADN? Segundo, ¿es discernible, a su vez, el portador de la información que porta? Las reacciones de alta especificidad, abundantes en biología en general (cada base se une específicamente con otra en particular, los ARNt ligan específicamente un aminoácido con un codón, etc.), plantean una tercera pregunta: ¿por qué la especificidad de una reacción, de un enlace químico, o de un proceso causal en general debe ser calificada como una relación informacional? En cuarto lugar, reparemos también en el hecho de que el gen sólo especifica la secuencia de la proteína, es decir, su estructura primaria. La funcionalidad de la proteína depende, en gran medida, de su correcto plegamiento y de su estructura cuaternaria. Una cadena polipeptídica bien sintetizada pero mal plegada puede ser inútil o nociva; puede no tener “significado” o tener un significado agresivo para la célula. Pero el gen no es el único responsable de estas estructuraciones posteriores de la proteína, sino que otra clase de proteínas, como las chaperonas, están involucradas en el plegamiento. Parece necesario admitir que el gen no porta la instrucción completa sino solo una parte. Pero, entonces, ¿es iluminador referirnos al gen como unidad de información? Por último, y en suma, ¿es realmente necesario el concepto de información para comprender lo que hacen los genes a nivel molecular?

3 Reacciones críticas a TIP y posiciones deflacionistas [↑](#)

Algunos autores han criticado el uso de nociones informacionales. Entre las reacciones críticas más relevantes, se ha objetado que resultan injustificadamente antropocéntricas, que pueden implicar alguna forma de preformacionismo anacrónico en biología, que podrían fundamentar una primacía causal de los genes cuestionable, que parecen reificar una noción abstracta, y que no juegan ningún papel epistémico en la actualidad. Como hemos dicho, estas objeciones están dirigidas contra TIP y no contra reconstrucciones filosóficas más refinadas de la noción de información en biología que trataremos en las secciones 4 y 5, por lo que podrían resultar poco decisivas (y quizás por esta misma razón, las defensas filosóficas del concepto de información se desarrollen con cierta independencia de algunas de estas objeciones).

Otras posturas, en cambio, argumentan que no existe nada semejante a una información biológica en un sentido literal, sino que las expresiones informacionales, o bien pueden reducirse a descripciones de otra clase (causales, por ejemplo), o bien se usan en un sentido netamente metafórico, razón por la cual aquí las denominaremos posiciones deflacionistas.

3.1 Reacciones críticas a TIP [↑](#)

3.1.1 Antropocentrismo [↑](#)

C. I. Stuart (1985a, b) ha objetado la connotación ontológica (esto es, ontológica en tanto que opuesta a un carácter puramente epistémico) de la idea de información genética, es decir, entendida simplemente como un conjunto de datos biológicos para un observador. Según Stuart, las descripciones informacionales que, como se dijo en la Sección 1, no reducen la información a algo del orden de lo epistémico, pueden ser vistas como un caso de falacia psicologista. Stuart, en este sentido, ha denunciado el carácter antropocéntrico y, por lo tanto, injustificado de estas descripciones.

3.1.2 Preformacionismo [↑](#)

Las objeciones más extendidas han estado motivadas por el rechazo de determinismo genético. Algunos autores de la llamada Teoría de los Sistemas de Desarrollo (*Developmental Systems Theory* o DST), tales como Susan Oyama, Paul



Griffiths, y Russell Gray (Oyama 1985, 2000; Griffiths y Gray 1994; Oyama, Griffiths y Gray 2001), argumentan que la idea de información genética implica una forma de preformacionismo que consideran inaceptable desde el punto de vista de la biología actual. La información genética es, para Oyama (1985), una versión contemporánea de la vieja idea de *forma*, que encierra la idea de que todo lo que el organismo necesita para su construcción estaría contenido en el genoma, mientras que otros recursos sólo aportarían el “material” para dicha construcción: “la información se concibe como una clase especial de causa entre todos los factores que puedan ser necesarios para un fenómeno, la causa que imparte orden y forma a la materia” (Oyama 1985, 3).

3.1.3 Primacía causal y genocentrismo [↑](#)

Los representantes de la DST argumentan también que la idea de información genética conduce a atribuir una primacía causal a los genes que distorsiona nuestro entendimiento de su papel causal en el organismo (Oyama 1985, 2000; Griffiths y Gray 1994; Sterelny y Griffiths 1999; Oyama, Griffiths y Gray 2001; Griffiths y Stotz 2013). Ellos rechazan esta primacía defendiendo la llamada *tesis de la paridad causal*. De acuerdo con sus defensores, los diversos factores relevantes en el desarrollo ontogenético están causalmente “a la par” y, por lo tanto, los genes no son más que un recurso del desarrollo entre otros. Esta tesis, pues, entra en conflicto con la afirmación de que los genes llevan información, siempre que esto sea entendido como una prerrogativa genética que les confiere un rol causal prominente. Si sólo los genes son portadores de información biológica, el resto de los factores del desarrollo parecen quedar relegados a meras condiciones de fondo. Sin embargo, en los sistemas biológicos la acción de los genes está estrechamente interconectada con la de muchos otros factores y es contexto-dependiente, característica que las descripciones informacionales tienden a pasar por alto (Griffiths 2001; 2006). Para Oyama, las descripciones informacionales pueden ser conservadas a condición de que no constituya una idiosincrasia genética. Así, la información no puede ser vista como algo almacenado en una ubicación restringida (el ADN) que existe con anterioridad a su uso en el desarrollo, sino como algo distribuido en la totalidad del sistema de desarrollo, sólo en el cual gana significado (Oyama 1985). Griffiths ha expresado algo semejante cuando sugiere que “Cualquier definición de información que pueda ser defendida en biología del desarrollo es aplicable por igual a factores del desarrollo genéticos y no genéticos” (Griffiths 2001, 396).

Una de las defensas recientes más relevantes de la primacía causal de los genes frente a la tesis de la paridad es la ofrecida por Waters (2007) fundada en su concepción de los genes como hacedores potenciales de diferencias causalmente específicos. El concepto de especificidad causal es la clave de la explicación: la contribución causal específica que hacen los genes determina la secuencia del ARNm y la proteína de una manera en que no lo hacen otros factores del entorno. Griffiths y Stotz han reaccionado a esta defensa de la primacía causal de los genes indicando que algunos factores externos al ADN son causalmente co-específicos pues intervienen crucialmente especificando (informando acerca de) la cadena de bases del ARNm y, por tanto, de aminoácidos de la proteína (Griffiths y Stotz 2013, 66-142). Sin embargo, no está del todo claro que con ello superen la tesis de Waters. Según la interpretación de este último, la tesis de la especificidad causal puede ser aplicada también a otros agentes no genéticos, pero lo crucial para superar la tesis de la paridad es que no todos los agentes no genéticos que intervienen son especificadores en el sentido relevante. En este sentido, en palabras de Waters, “la paridad causal no se resuelve mostrando que el ADN sea el único hacedor potencial de diferencias causalmente específico, sino mostrando que es uno de varios” (Waters 2007, 24) (ver Stegmann 2012 para una reconstrucción de las distintas versiones de la tesis de la paridad causal).

3.1.4 Reificación [↑](#)

Algunos importantes biólogos han parecido sugerir una ontología dual, en la cual junto con las entidades y procesos fisicoquímicos existen entidades y procesos de naturaleza informacional. Para George Williams, hay un dominio de códigos que existe junto con el dominio material (1992), John Maynard Smith y Eörs Szathmáry se han referido a la doble naturaleza de la vida, esto es, tanto metabólica como informacional (1999), y Sydney Benner (1999) ha afirmado que además de flujos de materia y energía hay también flujos de información. Notablemente, las sugerencias



de este tipo no han sido explícitamente defendidas, y puede que estén motivadas simplemente por la relevancia que tiene la información en nuestra actual visión del mundo. Sin embargo, como ha sido advertido por Arnon Levy, si hay algo plausible en este dualismo ontológico, su justificación filosófica debe partir de otras premisas: “Las nociones informacionales tienen importancia teórica, pero esto no debería conducir a reificarlas” y “los entusiastas de la información toman ilícitamente el éxito cognitivo de la información como base para un compromiso ontológico (Levy 2011, 653).

3.1.5 Rol teórico restringido [↑](#)

Algunos autores han remarcado que la idea de información genética, cuando mucho, sólo parecía plausible en los comienzos de la biología molecular, cuando se recurría a *E. coli*, un organismo modelo de una genética bastante simple (cada segmento o bien es codificante o bien tiene una función reguladora, por un lado, y los transcritos de ARN se traducen sin modificaciones, por el otro). En dicho contexto, la noción de información parece haber contribuido en la formulación de hipótesis y predicciones. Sin embargo, Sahotra Sarkar ha argumentado que, con el avance en el conocimiento de la genética eucariota, la simplicidad de la expresión génica y de la relación entre secuencia de ADN y producto polipéptido, y, con ello, la adecuación de la noción de información, se fueron debilitando (Sarkar 2005a). Por razones semejantes, se ha argumentado que las nociones informacionales tuvieron un rol teórico definido a la hora de solucionar un problema concreto, a saber, cómo se ensamblan ordenadamente las complejas moléculas de proteína, pero actualmente carecen de capacidad explicativa de los procesos genéticos (Godfrey-Smith 2000a ofrece un interesante experimento mental para ilustrar este punto en relación con el concepto de código).

3.2 Posiciones deflacionistas [↑](#)

3.2.1 Reduccionismo [↑](#)

Según algunos autores, las descripciones informacionales en biología son modos metafóricos o abreviados de referirse a otras cosas. Así, para algunos, el concepto de información en biología no es más que, en el mejor de los casos, un modo pintoresco de hablar de correlación y causación (Griffiths 2001). En esta línea, Pedrag Šustar (2007) reconstruye la noción vaga de información de Crick expresada en el dogma central en términos netamente causales. Según Šustar, el significado de locuciones del tipo “una secuencia macromolecular del tipo S lleva información sobre una secuencia macromolecular del tipo S*” equivale a la afirmación de que S determina la ocurrencia de S* en un modo causal particular.

Una reducción semejante de las expresiones informacionales a relaciones causales requiere un modo de poder distinguir los roles causales de distintas entidades, en particular, del ADN y demás estructuras que intervienen en los procesos genéticos, pues todas exhiben determinados roles causales. Para satisfacer este requerimiento, Šustar considera dos preguntas: (i) qué tipo de correlato tienen las relaciones causales en los procesos genéticos, y (ii) cuál es exactamente la relación causa-efecto que se da en estos procesos. El correlato no es, como en la visión tradicional, un *evento*, sino una *estructura*, en tanto los procesos genéticos consisten en la formación de una estructura a partir de otra preexistente, esto es, *causación estructural*. Más específicamente, los procesos genéticos consisten en un tipo especial de causación estructural, a saber, *causación dirigida por plantillas*. Esta precisión permite singularizar al ADN, dado que el resto de los agentes causales relevantes actúan de otros modos. En cuanto a (ii), en el caso de la causación dirigida por plantillas, la relación que se da entre causas y efectos exhibe una precisión ausente en otros tipos de relaciones causales.

3.2.2 Ficcionalismo [↑](#)

Evelyn Fox Keller defiende que los beneficios explicativos del recurso a descripciones informacionales derivan precisamente de su carácter metafórico. Expresiones como “acción del gen”, “programa genético” e “información



posicional”, por ejemplo, son tomadas de otros dominios e introducen en el discurso biológico significados y funciones en parte ajenos a la biología. Pero las tensiones semánticas y cognitivas producidas por los múltiples significados asociados a tales metáforas posibilitan su carácter explicativo, en la medida en que permiten hablar de lo que todavía no se conoce, pero acerca de lo cual es posible vislumbrar o conjeturar algo. Keller defiende que tales metáforas son necesarias por esos motivos, pero su importancia no se debe a que guíen hacia descripciones precisas de los fenómenos genéticos en cuestión –propiamente no son descripciones adecuadas-, sino a que proporcionan satisfacción explicativa de la única manera posible en esos contextos (Keller 2003).

Otros autores han continuado esta línea más recientemente, defendiendo que si bien las descripciones informacionales no tienen nada de literal, no por ello son prescindibles. Arnon Levy (2011), considerando que los usos metafóricos o ficcionales del lenguaje pueden servir para rastrear hechos verdaderos, ha argumentado que las explicaciones que involucran información, si bien no son literalmente verdaderas (no podemos atribuir propiedades semánticas a entidades biológicas), señalan relaciones causales reales. Tomadas correctamente, estas expresiones son un modo de decir lo que esos elementos realmente están haciendo.

En particular, la ficción informacional en biología sirve para traer al frente tres propiedades elementales: (i) una cierta direccionalidad, ya sea espacial, temporal, o ambas, del emisor al receptor, (ii) una conexión entre variables de dos partes de un sistema, y (iii) la oposición entre pasividad y actividad, acentuando el carácter activo del receptor y el emisor frente al carácter pasivo de la señal. Para Levy, y contra otras opiniones, estas metáforas no necesariamente son perniciosas. Según esta concepción, que se trate de una metáfora no implica que no sea capaz de imponer constricciones a las afirmaciones que pueden hacerse mediante su uso. Al contrario, una vez que es puesta en uso, hay estándares de corrección definidos asociados a la ficción que se invoca. Es este criterio de corrección el que nos permite capturar propiedades objetivas a partir de ficciones. Finalmente, si podemos dar cuenta de las contribuciones cognitivas y epistémicas que tiene una ficción, no hay razones de principio para excluirlas del conjunto de las herramientas científicas.

Hasta aquí, hemos visto posiciones escépticas respecto a la noción de información biológica. Tanto el reduccionismo como el ficcionalismo ponen mucho énfasis en la causación. Sin embargo, a diferencia de Šustar, la insistencia de Levy en la utilidad de la noción de información parece bloquear toda conclusión eliminativista. No obstante, otros autores se han propuesto defender positivamente el uso de descripciones y explicaciones informacionales, intentando dar con una noción más técnica y precisa y menos deflacionada e indeterminada de información en biología. A ellos se dedica el resto de esta entrada.

4 Enfoques no semánticos de la información genética [↑](#)

4.1 Biología y Teoría Matemática de la Información [↑](#)

Una fuente importante de inspiración de los enfoques no semánticos es la *Teoría Matemática de la Comunicación* (mejor conocida como *teoría de la información*) formulada por Claude Shannon (1948). La noción de información en la teoría de Shannon (TS) es fundamentalmente cuantitativa (uno de sus puntos esenciales es que la capacidad del canal y la cantidad de información transmitida pueden ser cuantificadas). Una situación comunicacional requiere una fuente F , un canal CH y un receptor R , donde F y R tienen un rango de estados posibles con una cierta probabilidad de ocurrencia, y se calcula como $H = -\sum_{i=1}^n p_i \log p_i$ (Ver la voz [Teoría de la información de Claude E. Shannon](#) en esta Enciclopedia).

Así, todo proceso en el que haya una fuente que tenga distintos estados posibles, con determinada probabilidad de ocurrencia, donde se dé una correlación confiable entre dos estados y donde la reducción de la incertidumbre en un lugar esté correlacionada con la reducción de la incertidumbre en otro es un proceso en que puede hablarse de transmisión de información. Por ejemplo, el cielo puede tener una variedad de estados, digamos, cubierto de nubes oscuras. Si el estado nublado del cielo está correlacionado con un estado futuro del tiempo, en particular, con una tormenta, entonces el cielo lleva información sobre el tiempo, y esta correlación puede ser cuantificada. La noción de información de esta teoría está estrechamente ligada con la reducción de la incertidumbre: cuanto menor es la



probabilidad del estado de la fuente, mayor es la cantidad de información transmitida por ese estado, porque mayor es la incertidumbre que se reduce. Inversamente, un estado de probabilidad mayor transmite menos información porque reduce menos la incertidumbre sobre la fuente. Otra de las características más distintivas de la TS es que, en tanto instrumento de cálculo que lidia con cantidades promedio de los estados de un sistema y con sus probabilidades, no se propone dar cuenta del contenido o significado de la información cuantificada. De hecho, el artículo de Shannon prácticamente comienza desestimando todos los aspectos semánticos vinculados a la información. En uno de los fragmentos más citados del artículo, dice:

“A menudo, los mensajes tienen significado, esto es, refieren o están correlacionados de acuerdo con algún sistema con ciertas entidades físicas o conceptuales. Estos aspectos semánticos de la comunicación son irrelevantes para el problema de ingeniería” (Shannon 1948, 1).

Originalmente, la TS buscó solucionar algunos problemas técnicos relativos a las telecomunicaciones, pero el éxito obtenido motivó su aplicación más allá de sus dominios pretendidos, entre ellos, en biología. Durante la década de 1950 hubo muchos intentos de aplicar la TS en biología (Kay 2000; Sarkar 2005a, 2005b, 2005c). En 1952, Henry Quastler, uno de los exponentes de este programa, organizó un ‘Simposio sobre teoría de la información en biología’; Herman Branson (1953) calculó la cantidad de información contenida en una secuencia de aminoácidos; Henry Linschitz (1953), por su parte, intentó calcular la cantidad de información contenida en una bacteria, entre otros casos (para una continuación posterior de este programa de investigación, ver Yockey 1992). No obstante, se ha argumentado que las aplicaciones de TS en el contexto de la biología molecular de mediados del siglo pasado no arrojaron resultados optimistas (Sarkar 2005a; Kay 2000). El trabajo de Quastler, según Kay, estaba plagado de problemas: datos desactualizados, asunciones no garantizadas, una numerología dudosa y la incapacidad de generar una agenda experimental (2000). Actualmente, existe cierto consenso respecto de que la teoría no recoge lo que los biólogos pretenden decir cuando hablan de información y que, por lo tanto, no se aplica de ningún modo interesante. Los argumentos más usuales son:

Especificidad. La TS no puede capturar la especificidad, no dice nada de cómo la secuencia de componentes de una molécula determina la secuencia de los componentes de otra mediante reacciones específicas. Sin embargo, esta propiedad está en la base de los que constituyen los casos paradigmáticos de procesos presuntamente informacionales en biología molecular (Sarkar 2004).

Ubicuidad. La información en el sentido de la TS, “está en todos lados” (Godfrey-Smith 2004). Donde sea que un sistema sea susceptible de entrar en distintos estados y dichos estados se correlacionen con los estados de otro sistema, la situación puede ser descrita y modelada en términos de información en el sentido de la TS. Por esta razón, decir que los genes contienen información en el sentido de TS es decir muy poco, en particular, que entre los genes y sus productos existe una correlación, motivo por el cual a este sentido de información se le ha llamado “mínimo” o “débil” (Godfrey-Smith y Sterelny 2016). Partiendo de TS, el sentido en que el ADN se dice portador de información no sería distinto del sentido en que las nubes pueden portar información, pero cuando los biólogos hablan de información genética parecen estar queriendo decir algo más.

Probabilidad y cantidad de información. La relación inversamente proporcional entre la probabilidad del estado y la información que transmite podría resultar contraintuitiva en biología. En efecto, se podría esperar que las secuencias de ADN que más significativamente afectan al organismo fueran las que transmiten mayor información (y en ocasiones así parece entenderse en los libros de texto). Estas secuencias más significativas serían también, presumiblemente, las más favorecidas por la selección natural. Por lo tanto, serían las más frecuentes en una población. En tal caso, los estados más probables serían los más informativos, al revés de lo que ocurre en TS (Sarkar 2004; 2005c). Sin embargo, la premisa inicial en este argumento (que las secuencias más importantes para el organismo deban ser consideradas “más informativas”) bien puede ser rechazada.

Indistinción genes-ambiente. La TS es incapaz de singularizar los genes, por un lado, y de descartar el ambiente, por el otro, como fuentes de información. Esto se debe a que desde el punto de vista de TS, la distinción fuente/canal es impuesta por el observador (Griffiths y Stotz 2013, 159-160). Nada en la teoría o su modelo de situación comunicacional impiden computar al ambiente como fuente, de modo que TS se puede usar para representar la relación entre inputs ambientales y outputs fenotípicos. En este caso, el ambiente llevaría información sobre el fenotipo de la misma manera que los genes en la interpretación más usual. Dependiendo de cómo sea interpretado el



esquema, la relación informacional será *genotipo* → *fenotipo* o *ambiente* → *fenotipo* (Sarkar 2004; 2005c; 2005b; Godfrey-Smith 2004; 2008; Godfrey-Smith y Sterelny 2016; Maynard Smith 2000). El punto aquí es que mientras que nadie negaría la existencia de correlaciones entre ambientes y fenotipos, sí podría cuestionarse que dicha relación sea informacional en el mismo sentido en que lo es la relación ADN-fenotipo. Sin embargo, esta flexibilidad de la TS no constituye un problema para los defensores de la tesis de la paridad (cf. 3.1.3 y 3.1.3).

Contenido de la información. La TS puede servir muy bien para calcular la cantidad de información en una secuencia de ADN, pero no dice nada sobre el contenido de esa información (Sarkar 2005a, 2005b, 2005c; Jablonka 2002). Para Eva Jablonka (2002), la indiferencia de TS a la función y al significado implica que, dadas tres secuencias de ADN de la misma longitud, una que codifica una enzima funcional, una segunda que codifica una enteramente disfuncional, y una tercera que no interviene en la elaboración de ningún producto ni en la regulación de la expresión de ningún gen, las tres pueden ser equivalentes en términos informacionales (Jablonka 2002). (Aunque véase Koonin 2016 para un intento de complementar la TS con una noción de significado vinculada con la de función).

4.2 El “sentido transmisional” de la información [↑](#)

Bergstrom y Rosvall (2011a, 2011b) han propuesto un enfoque acerca de la información que, de acuerdo con ellos, captura mucho de lo que los biólogos quieren decir cuando hablan de la información en los genes y que, al mismo tiempo, recupera el espíritu de la TS. El foco aquí está puesto en la transmisión, pues es el problema central al que se dirige TS, y al igual que en esta última no se considera el contenido de la información. De acuerdo con este enfoque, entonces, “un objeto *X* transmite información si la función de *X* es reducir, en virtud de sus propiedades secuenciales, la incertidumbre por parte de un agente que observa *X*” (Bergstrom y Rosvall 2011a, 165).

En tanto está centrada en la transmisión, esta noción no se aplica al desarrollo de los organismos sino a la herencia intergeneracional. En cuanto a la cuestión del alcance de la información, en esta propuesta, se trata del ‘agente observador’, que en contexto biológico debe ser entendido como un organismo de la generación siguiente. Su argumento para esta restricción es el siguiente: el problema fundamental del que se ocupa la TS es el de cómo empaquetar y *transmitir* eficientemente la información; en biología, por su parte, la transmisión remite a la herencia intergeneracional; por lo tanto, se puede hablar de información propiamente donde hay herencia entre generaciones: la información de los genes se transmite de una generación a otra. De esta manera, el problema de la indistinción entre genes y ambiente no se suscita, porque el eje “horizontal” (genes a fenotipos) no es el relevante informacionalmente: el ambiente –asumen– no se hereda de generación en generación (Koonin 2016 también considera relevante el eje vertical).

Más que una definición, esta formulación ofrece un criterio para detectar en qué casos hay transmisión de información, lo que permite definir el dominio de las entidades informacionales. Así, por ejemplo, se admite que los patrones de metilación del ADN también llevan información de generación en generación. Estos patrones o marcas son modificaciones químicas del ADN relacionadas con la regulación de la expresión génica; en particular, consisten en grupos metilos que se añaden a la citosina “silenciando” la expresión de algunos genes (Alberts *et al.* 2010; Jablonka 2002; véase en esta Enciclopedia la voz *Epigenética*). Pero no cualquier elemento extrínseco del ambiente pertenece a esta clase de objetos transmisores de información; la temperatura ambiental, por ejemplo, aunque tenga efectos bastante confiables y recurrentes sobre los organismos, no se transmite de generación en generación.

Sin embargo, se ha objetado a este enfoque, primeramente, que no resulta del todo evidente el sentido en que recupera aspectos centrales de TS (Stegmann 2013a explora algunas posibilidades al respecto). En segundo lugar, Peter Godfrey-Smith (2011) considera que no tiene demasiado sentido afirmar que el organismo *como un todo* sea el receptor del mensaje genético, porque en el caso genético, a diferencia de otros, el receptor no preexiste al envío del mensaje. Por el contrario, el receptor (organismo multicelular como un todo) se origina mediante un proceso causal que incluye la lectura del mensaje genético. Así, los procesos que comúnmente se conciben como “lectura” de la información genética, es decir, donde interviene la maquinaria decodificadora, ocurren dentro de las células individuales.

Por otra parte, el que la apelación a las propiedades secuenciales (reemplazadas por “combinatorias” en Bergstrom y



Rosvall 2011b) sea crucial en la reducción de incertidumbre plantea una dificultad en la medida en que no queda claro cómo esta noción de información podría extenderse a la herencia no genética, donde es más difícil hallar propiedades de este tipo.

Finalmente, se podría notar que la idea de que la transmisión excluye al ambiente ha sido directa y expresamente desafiada por la teoría de construcción de nicho, que enfatiza la capacidad de los organismos de alterar el propio ambiente modificando las presiones selectivas. Dichas presiones selectivas modificadas son heredadas por las siguientes generaciones (Odling-Smee 2007; 2010).

4.3 Información y el código genético [↑](#)

La noción de información aparece muy ligada a la de código, de modo que Sarkar (2000, 2004, 2005c) y Godfrey-Smith (2000a, 2004) han elaborado una visión acerca de la información a partir de código genético. Sarkar ha propuesto la noción de 'información semiótica' para caracterizar la relación entre codones y aminoácidos, la cual se caracteriza por ser:

a) *Simbólica*: se puede considerar que cada codón es un símbolo para un aminoácido.

b) *Combinatoria*: distintas combinaciones de nucleótidos, potencialmente, especifican distintos aminoácidos.

c) *Arbitraria*: el código podría ser otro que el que de hecho es (en el sentido del carácter contingente de la evolución y de la hipótesis del 'accidente congelado'). [La hipótesis del accidente congelado señala que el código genético fue inicialmente contingente, esto es, que podría haber sido diferente, y llegó a fijarse y ser universal en la actualidad debido al origen común de la vida en la tierra (Crick 1958).]

d) *Específica*: un codón, o un pequeño número de distintos codones, codifica un determinado aminoácido.

Su propuesta de *sistemas informacionales formales* permitiría recoger estas propiedades y precisar el sentido en que hay información genética. Un sistema de este tipo consiste en un triplo ordenado de dos conjuntos, A y B , más una relación informacional, ι , que conecta elementos de A con elementos de B . En el caso genético, A está compuesto por secuencias de ADN, y B por secuencias de polipéptidos. Para que ι sea una relación semiótica, se deben satisfacer dos condiciones de especificidad y dos de arbitrariedad.

Especificidad diferencial (E1): Sean a y a' elementos que pertenecen a diferentes clases de equivalencia de A . Si $\iota(a, b)$ e $\iota(a', b')$, entonces, b y b' son diferentes elementos de B .

Especificidad diferencial inversa (E2): Si $\iota(a, b)$ y $\iota(a', b')$, y b y b' son diferentes elementos de B , entonces, a y a' pertenecen a diferentes clases de equivalencia en A .

De cualquiera de estas condiciones se sigue que A y B covarían, esto es, que hay correlaciones estadísticas entre las ocurrencias de los elementos de A y de B . Si sólo se cumple la condición (E1), entonces A lleva información específica para B , esto es, A covaría con B , pero puede ser que algo distinto de A también covarie con B . En cambio, si se satisfacen ambas condiciones, significa que A por sí sola (A y sólo A) lleva información específica para B .

Independencia de medios (A1): el mapeo puede ser sintácticamente representado de cualquier manera, en tanto se preserve el isomorfismo entre los conjuntos.

Libre asignación de plantillas (A2): todo protocolo particular de codificación entre elementos de A y elementos de B es arbitrario. En el caso concreto de los codones y aminoácidos, implica que asignaciones alternativas entre unos y otros sean evolutivamente posibles.

Si se satisfacen (E1) y las dos condiciones de arbitrariedad, (A1) y (A2), entonces ι es una relación de *codificación* y A codifica B , lo que es otra forma de decir que A contiene *información semiótica* para B . El ADN procariota satisface las dos condiciones de especificidad, lo que significa que el ADN procariota contiene por sí solo información específica



acerca de las proteínas. Sin embargo, la genética eucariota es bastante más compleja, por ejemplo:

- El código genético estándar no es, en sentido estricto, universal (algunos organismos usan un código ligeramente diferente, y el código para el ADN mitocondrial también es ligeramente diferente).
- Existen mutaciones con desplazamiento del marco de lectura que pueden significar diferencias en los codones conformados.
- Un mismo transcrito primario de ARN puede ser empalmado de distintas maneras, dando lugar a distintas proteínas en cada caso, lo que se conoce como empalme alternativo (*alternative splicing*).

Estas características de los eucariotas implican que una misma secuencia de ADN puede originar una variedad de secuencias de aminoácidos. Por esta razón, (E2) no se cumple en caso de los organismos eucariotas, lo que significa que el ADN eucariota contiene información específica acerca de las proteínas, pero no por sí sólo.

En cuanto a la cuestión del dominio y del alcance, la relación de información semiótica se da, propiamente, en el contexto de la síntesis de proteínas, esto es, entre codones y aminoácidos, y no concierne a la relación entre genes y fenotipos. La razón de esto es que, en la formación de un rasgo fenotípico, las proteínas pueden resultar explicativamente relevantes, pero esto no alcanza para afirmar que contengan información sobre esos rasgos. De este modo, se salva el privilegio de los genes sobre otros factores causales del desarrollo, en la medida en que sólo ellos llevan información semiótica, pero sin convertir esa afirmación en una aseveración reduccionista, esto es, sin implicar a partir de ello que los genes (a través de la producción de proteínas) son los únicos factores responsables en la etiología de un rasgo. En el origen de un rasgo, pues, están involucrados distintos factores; algunos de ellos son portadores de información, mientras que otros no.

Una crítica que se ha hecho al concepto de información semiótica es que no da cuenta de lo que parece ser una de las características de TIP: la asimetría. De acuerdo con la noción preteórica, la información genética es asimétrica en el sentido de que el ADN contiene información sobre las proteínas (y tal vez para otros resultados ontogenéticos, dependiendo de la postura) pero las proteínas no contienen información sobre los genes. Las condiciones de arbitrariedad y especificidad no expresan esta asimetría, y dado que se trata de un sistema formal, los conjuntos pueden ser instanciados de manera inversa (esto es, *A* como el conjunto de los aminoácidos y *B* como el conjunto de los codones). Una condición adicional que introdujera direccionalidad, por ejemplo, una condición causal de acuerdo con la cual los elementos de *A* deben causar (o contribuir a causar) los elementos de *B*, podría resolver el problema (Stegmann 2009).

Al igual que Sarkar, Peter Godfrey-Smith (2000b, 2004, 2005c) ha argumentado, contra lo que él considera la ortodoxia recibida, que los genes no contienen información *sobre los rasgos fenotípicos*. Su enfoque, tal como el enfoque semiótico, está más centrado en la noción de *código* que en la de información como tal. Para él, los genes llevan información porque efectivamente hay una relación de codificación entre codones y aminoácidos. Así, la legitimidad de la afirmación de que los genes codifican información también se restringe al contexto de la síntesis de proteínas, porque, técnicamente, los genes no *codifican* su propia duplicación (el “lenguaje” molecular es el mismo: bases nucleotídicas). Más aún, la legitimidad de la afirmación se restringe a la especificación de la estructura primaria de la proteína; la afirmación ni siquiera alcanza a su estructura final. Para defender esta idea, Godfrey-Smith analiza y compara los papeles causales de los genes en la síntesis de proteínas y de las proteínas en la conformación de los rasgos. De dicho análisis, concluye que los genes tienen un papel causal especial y específico en la determinación de la secuencia lineal de aminoácidos de las proteínas, distinto del modo como las proteínas contribuyen causalmente a los rasgos fenotípicos. Codificar, bajo este enfoque, es causar un efecto de determinada manera.

Como ya sabemos, en la síntesis de proteínas, el orden lineal de las secuencias de nucleótidos especifica el orden lineal de la secuencia de aminoácidos, mediante un doble proceso de plantillas. Ahora bien, Godfrey-Smith entiende que el ADN y el ARNm son plantillas que tienen tres propiedades especiales:

- Especificidad*. Los bloques constitutivos del ADN (nucleótidos A, T, C y G) no son idénticos a los que constituyen el ARN (A, U, C y G), y éstos, a su vez, son distintos de los bloques constituyentes de las proteínas (aminoácidos). Dada esta heterogeneidad, hay una “regla de especificidad” que conecta un tipo de bloque con otro.
- Combinatoriedad*. La especificación de las proteínas mediante estas plantillas está estructurada



combinatoriamente, en el sentido de que la regla de especificidad tiene una organización parte-todo definida, que involucra el libre arreglo de componentes. En otras palabras, los elementos en la plantilla de ADN que son específicos para un aminoácido particular son arreglos de tres bases nucleotídicas.

c) *Arbitrariedad*. La regla que vincula codones con aminoácidos es (como ya se ha mencionado) arbitraria. Por arbitrariedad, Godfrey-Smith entiende que nada en la química de un aminoácido particular es responsable de su correspondencia con un codón particular. Lo que determina esta correspondencia son factores contingentes acerca de los ARNt y de las enzimas que actúan en el proceso, y un cambio en estos factores podría conducir a que un codón fuera interpretado de un modo diferente en la síntesis de proteínas.

De acuerdo con este enfoque, estas propiedades bastan para justificar que se hable de información genética. Para Godfrey-Smith, pues,

“(...) el modo particular como las proteínas son elaboradas sí justifica que se diga que los genes las ‘codifican’. Este modo de describir a los genes recoge, en efecto, algunas características reales y distintivas de los mecanismos genéticos. Los genes colaboran en la producción de las proteínas al actuar como plantillas, y esto involucra una regla combinatoria y arbitraria, ampliamente estática y universal, que conecta secuencias de ácidos nucleicos con secuencias de aminoácidos” (Godfrey-Smith 2004, 283).

El caso con la relación gen-rasgo es distinto. No se trata de negar que los genes tienen un papel causal importante en la producción de los fenotipos, sino que el modo como los genes ejercen ese papel causal no involucra la interpretación de un mensaje codificado en el cual los genes especifican los rasgos fenotípicos. El modo como los genes originan las proteínas, sostiene Godfrey-Smith, es bastante más unificado que el modo como las proteínas producen efectos en el organismo. Además de tener funciones diferentes, la acción de las proteínas involucra una masa compleja de procesos en cascada e interacciones. Según Godfrey-Smith, en la mayoría de los casos, afirmar que un gen causa un rasgo resulta erróneo, porque sugiere una imagen demasiado simplificada del proceso. Mucho más difícil todavía es encontrar análogos de mensajes, representaciones o códigos (es decir, conceptos semánticos) en el modo en que los genes colaboran en la producción del fenotipo. Una proteína puede, en efecto, tener un papel causal clave en el desarrollo de un rasgo fenotípico complejo y distante, pero lo que sí se niega es que postular una relación de código, *como opuesta a una relación causal ordinaria*, ayude a nuestro entendimiento de las consecuencias ulteriores de la producción de la proteína.

4.4 Información mecanística [↑](#)

El reciente programa de investigación en mecanismos en biología ha afrontado también la cuestión de la información genética preguntándose qué es lo específico de los mecanismos informacionales. Lindley Darden (2006), basándose en Crick, distingue en la síntesis de proteínas el flujo de materia del flujo de información, y argumenta que la información en contexto de la biología molecular no es nada estático, sino que requiere la operación de un mecanismo, entendidos como “entidades y actividades organizadas de manera tal que producen cambios regulares desde las condiciones iniciales hasta las condiciones terminales” (Machamer, Darden y Craver 2000, 3).

Una característica importante de los mecanismos es que las entidades y actividades se organizan en etapas con continuidad productiva desde el principio hasta el final. En el proceso de síntesis de proteínas, puede apreciarse que no hay ninguna porción de materia que fluya desde el principio hasta el final, y aunque se consuma energía en cada etapa del proceso, difícilmente puede decirse que haya un flujo de energía de principio a fin. El único flujo continuo en el proceso es informacional, que para Darden es “el patrón lineal de secuencias de bases de ADN codificado que determina la secuencia de bases de ARN que determina la secuencia de aminoácidos” (2006, 283).

Si bien todos los mecanismos, por definición, presentan continuidad productiva, no todos exhiben flujo de información. Darden sugiere que el flujo de información es unidireccional, aunque reconoce la dificultad para precisar mejor la diferencia entre mecanismos informacionales y no informacionales.

Jim Bogen y Peter Machamer (2011) han continuado desarrollando esta noción de información mecanística restringida



a la síntesis de productos génicos. Para ellos, los mecanismos informacionales y no informacionales se diferencian en dos sentidos: (i) por el *alcance* de la influencia causal ejercida por factores iniciales, y (ii) por la presencia de una estructura *teleológica*.

Las diferencias se aprecian mejor comparando dos mecanismos, la síntesis de proteínas (informacional) y el ciclo de Krebs (no informacional). En el primero, los codones ejercen una influencia causal fuerte y directa en la producción del ARN y una influencia causal indirecta pero fuerte en la formación de la cadena de aminoácidos (en su orden). En el ciclo de Krebs, en cambio, en cada reacción se produce una molécula que sirve de sustrato para la siguiente mediante submecanismos que actúan con relativa independencia unos de otros, de modo que ninguno de los sustratos del ciclo ejerce influencia de largo alcance en pasos subsecuentes.

En cuanto al elemento teleológico, los mecanismos biológicos informacionales se caracterizan por operar promoviendo objetivos del organismo al que pertenecen. Los codones ayudan a dirigir la operación de mecanismos hacia resultados teleológicamente apropiados en la medida en que imponen constricciones en la producción. En este sentido, “Información mecanística es la influencia causal que ejercen las entidades y actividades de un paso en la operación de un mecanismo para seleccionar los resultados teleológicamente apropiados para la producción en uno o más pasos subsecuentes. En suma, la información mecanística es causalidad selectiva” (Bogen y Machamer 2011, 858).

Siguiendo esta línea, Frode Kjosavik (2014) ha propuesto el concepto de *información estructural*, que es una subclase de información mecanística, para caracterizar la peculiaridad causal de los genes. Los genes, si bien en su rol regulador guardan una relación de paridad causal con otras entidades (pues entidades distintas de los genes participan en la regulación génica), gozan de una primacía causal en su rol especificador de secuencias. Apreciar esta primacía causal requiere una caracterización más precisa del código genético.

Para Kjosavik, el código genético constituye un caso especial en el que hay una correspondencia entre dos códigos combinatorios, a saber, entre el código ADN-ARN y el código ARN-Aminoácidos, que denomina *código estructurante*. Un código estructurante se caracteriza por:

- a) la existencia de una congruencia de patrón entre el sistema codificador y el sistema codificante, ya sea uno-a-uno o uno-a-muchos,
- b) ser modular, compuesto por unidades discretas permutables, y
- c) por el hecho de que estas unidades forman un patrón modular de transmisión de la estructura codificadora a la codificada.

En respuesta a los críticos de la noción de información, Kjosavik admite cierto “preformacionismo digital” mínimo en los códigos de transcripción (ADN-ARN) y de traducción (ARN-aminoácidos), pero que no se extiende más allá de las estructuras digitales (no tridimensionales) de estas moléculas. No hay código entre las formas tridimensionales de las moléculas. Esta estructura digital de las moléculas parece constituir el alcance de la información en la visión mecanística. Por otra parte, el ADN no sería exclusivo en su rol informacional de acuerdo con este enfoque, sino que se admite que las moléculas que funcionan como señales en la comunicación celular también portan información mecanística. La cuestión del dominio, por tanto, no se resuelve a favor de los genes, sino que el concepto de información mecanístico podría atribuirse a entidades más allá de estos.

5 Enfoques semánticos [↑](#)

En el contexto de las descripciones informacionales en biología, ‘semántico’ o ‘propiedades semánticas’ o no siempre significan lo mismo. Ante todo, los enfoques semánticos de la información biológica no se vinculan con las teorías semánticas de la información diseñadas para contextos lingüísticos (como la de Rudolf Carnap y Yehoshua Bar-Hillel de 1952 o la interpretación semántica que hace Dretske (1981) de la teoría de Shannon). En cambio, parece que ‘semántico’ expresa en este contexto, ante todo, oposición a un enfoque meramente cuantitativo (Jablonka 2002, Godfrey-Smith y Sterelny 2016) y la idea de que esta información tiene un contenido, es acerca de algo.



La característica fundamental de la visión semántica es que las entidades a las que adscribimos propiedades informacionales tienen un contenido que es evaluable, es decir, susceptible de ser correcto o erróneo. La concepción semántica (a veces también llamada *intencional*) de la información entiende que la correlación causal no es suficientemente explicativa del *error*; pero al adscribir contenido semántico a los genes cabe, por ejemplo, expresar la idea de un error de copia o de traducción, o incluso de expresión errónea (Sterelny y Griffiths 1999, Godfrey-Smith 2004), algo de lo que, de hecho, se habla en biología. Por último, permite que tenga sentido hablar de la información de un gen aún si ese gen (por algún motivo) no se expresa y, así, justificar la expresión de que el ADN “almacena” la información (Stegmann 2005).

5.1 Información como teleofunciones simbólicas [↑](#)

Algunos enfoques toman ciertos elementos de la teleosemántica, un programa filosófico que buscó naturalizar las propiedades semánticas, esto es, dar cuenta de ellas como relaciones naturales (Millikan 1984; Papineau 1987; Griffiths 2001; Godfrey-Smith 2006). Para lograrlo, se procede reduciendo el significado a una función biológica y adscribiendo a la función una historia selectiva. De acuerdo con las teorías teleosemánticas, entonces, el contenido de una representación está determinado por la función evolutiva de dicha representación, de modo que las visiones teleosemánticas de la información biológica conciben que los genes y otras entidades contienen información sobre la estructura a la que dan lugar en virtud de haber sido seleccionados para producir dicha estructura (ver la voz *Función Biológica* en esta Enciclopedia).

El biólogo evolutivo John Maynard Smith (2000a, 2000b) desarrolló una defensa de la noción de información inspirada en ciertos elementos teleosemánticos. De acuerdo con él, los genes y las proteínas reguladoras contienen información para el desarrollo del fenotipo en virtud de que (i) ejecutan funciones *arbitrarias* o *simbólicas*, y (ii) que han sido seleccionadas.

Una función es arbitraria cuando no está determinada por la forma de la estructura. Este es el caso para los genes, porque nada en la *forma* de un codón determina que éste codifique un aminoácido particular. Por ejemplo, “CAC codifica la histidina, pero no hay ninguna razón química por la cual no pudiera codificar la glicina” (2000, 185). Pero, para llevar información, la estructura debe además haber evolucionado por selección natural: “es la selección natural lo 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 un modo tal que favorece la supervivencia del organismo” (2000, 179). Esta información es semántica en tanto implica *intencionalidad*, es decir, es *acerca de* algo. Desde una posición teleosemántica, argumenta que el componente intencional en la biología está dado por la selección natural (2000, 193).

La propuesta teleosemántica de Maynard Smith se propone explícitamente recoger la diferencia entre dos tipos de factores causales reconocidos en desarrollo de un organismo: causas ambientales y causas genéticas. La apelación a la selección natural logra este objetivo: aunque ambos, genes y factores ambientales, produzcan efectos en el organismo, la selección natural no actúa sobre el ambiente; por lo tanto, el ambiente no es una causa intencional, y queda descartado como portador de información.

Sin embargo, admite que las proteínas reguladoras satisfacen los dos criterios y, por lo tanto, también son portadoras de información. A diferencia de otras clases de proteínas, las proteínas reguladoras no se enlazan al ADN en virtud de su forma: “no hay conexión necesaria entre su forma (composición química) y su significado (genes encendidos o apagados)” (2000, 185). El requerimiento de la evolución por selección natural también recae sobre las estructuras receptoras de la información, esto es, la maquinaria receptora de la célula (compuesta por los ribosomas, las enzimas, los ARNt, etc.) en el caso de los genes, y secuencias nucleotídicas receptoras, en el caso de las proteínas reguladoras.

Godfrey-Smith (2000b) cuestiona la relación entre los dos criterios señalando que “las propiedades “intencionales” que derivan de las historias de selección natural no tienen ninguna conexión particular con los papeles causales arbitrarios como opuestos a los papeles causales no-arbitrarios” (2000b, 205), pues la selección natural no actúa exclusivamente sobre estructuras que cumplan funciones arbitrarias. En ese sentido, las condiciones (i) y (ii) no se relacionan de ninguna manera justificable. Por otra parte, se ha objetado que el enfoque no logra el objetivo de



privilegiar sólo a los genes (con la excepción permitida de las proteínas reguladoras), porque otras estructuras satisfacen los dos criterios (Sterelny 2000; Moffatt 2008). Por ejemplo, para Kim Sterelny (2000), el citoplasma también es arbitrario en su función, en el sentido de que no parece haber ninguna conexión necesaria entre los ingredientes químicos en la célula y su efecto de proveer la organización espacial básica de la célula en desarrollo; y, presumiblemente, ha sido seleccionado para cumplir esa función. En tal caso, el dominio pretendido por Maynard Smith (genes y proteínas reguladoras) se extendería también incluyendo los citoplasmas. Otros sospechan que cualquier efecto puede parecer arbitrario cuando hay suficientes conexiones causales separándolo de su causa (Godfrey-Smith 2000b, Levy 2011). Por otra parte, Stegmann (2004) señala que en los mecanismos de transcripción y la replicación no se encuentra la arbitrariedad requerida por el enfoque, porque el tipo de uniones químicas involucradas es típicamente complementaria, es decir, lo opuesto a la arbitrariedad e incluso químicamente necesaria. Por su parte, Marcel Weber (2005, también Sarkar 2000) objeta el criterio de origen selectivo considerando la posibilidad de un gen que se ha originado a partir de mutaciones azarosas y que ha resultado ser beneficioso, pero sobre el cual *todavía* no ha actuado la selección natural. Si la selección natural todavía no ha operado sobre dicha secuencia, ésta no contendría información, aun cuando una secuencia tal podría tener la misma influencia causal en el desarrollo que una secuencia seleccionada.

5.2 Información como teleofunciones heredables [↑](#)

Por su parte, Eva Jablonka (2002) reconoce una objeción de Oyama acerca de que el foco excesivo en los genes, en su herencia y en su caracterización informacional puede conducir a representaciones inapropiadas o incorrectas, pero para ella esto no significa que debemos abandonar la noción de información, sino más bien que se debe dar una definición de información capaz de reconocer que hay distintos tipos de información. Ella ofrece una definición de información basada en casos paradigmáticos cotidianos y biológicos, que exhiben cuatro características comunes:

- Hay un tipo especial de reacción entre un receptor y una fuente: la información afecta a las acciones potenciales del receptor (por ejemplo, un hombre reacciona de cierta manera al cronograma, una llamada de alarma afecta el comportamiento de un animal, etc.)
- La reacción del receptor a la fuente depende de la organización de la fuente, y la información puede transmitirse sin que se genere ninguna alteración en la fuente.
- La reacción a la fuente contribuye a un tipo de respuesta, por parte del receptor, que es beneficiosa a través del tiempo evolutivo.
- Variaciones en la forma de la fuente conducen a variaciones en la forma de la respuesta (por ejemplo, variaciones en el ADN conducen a variaciones en el desarrollo, o también, variaciones en el cielo conducen a variaciones en las acciones del animal).

Así, Jablonka formula la siguiente definición:

“Una fuente (entidad o proceso) contiene información cuando un sistema receptor reacciona a esta fuente de un modo especial. La reacción del receptor a la fuente debe ser tal que la reacción pueda, actual o potencialmente, cambiar el estado del receptor de una manera (usualmente) funcional. Más aún, debe haber una relación consistente entre las variaciones en la forma de la fuente y los cambios correspondientes en el receptor” (Jablonka 2002, 528).

Donde *forma* refiere a la organización de las características y/o acciones de la fuente; *interpretación* es el proceso de reacción funcional y regular del receptor a la fuente; y *funcional* implica una respuesta adaptativa (siguiendo una concepción etiológica de las funciones). La relación informacional es, pues, una relación interpretativa.

Como en la propuesta de Maynard Smith, la selección natural tiene un rol crucial. Sin embargo, hay dos diferencias importantes entre ambas visiones. Primero, para Jablonka, no se requiere que la fuente y el receptor, como tales, hayan evolucionado por selección natural, sino que cambia el foco hacia el *sistema interpretativo* del receptor, que media entre receptor y fuente. Es este sistema el que debe satisfacer el criterio selectivo. En segundo lugar, la característica anterior permite que ciertos elementos ambientales puedan contar como inputs informacionales. Por ejemplo, un cielo gris puede proveer información sobre la lluvia a un simio inteligente, pues, aunque las nubes grises no hayan evolucionado selectivamente, constituyen sin embargo el input para una respuesta adaptativa por parte del



organismo que las percibe.

Un último requerimiento es que exista una *relación consistente*, esto es, confiable y regular, entre las variaciones en la forma de la fuente y la respuesta funcional del sistema interpretativo del receptor. Las alteraciones organizacionales de la fuente no pueden resultar indistintas para el sistema interpretativo (por ejemplo, distintas variaciones en el estado del cielo tienen como correlato variaciones en la respuesta de un animal, como distintos grados de apremio para refugiarse, o variaciones en el ADN conducen a distintas respuestas en el comportamiento celular).

La idea es que esta definición se puede aplicar en los distintos “sistemas de herencia”, a saber, el genético, epigenético (herencia de variaciones celulares que no dependen de la secuencia nucleotídica), comportamental (herencia de rasgos comportamentales) y simbólico (herencia cultural), y otras formas, como la herencia de nicho ecológico (Jablonka 2001; 2002; Jablonka y Lamb 2005; Jablonka, Lamb y Avital 1998). Jablonka afirma que su definición de información “permite examinar y comparar los diferentes tipos de información heredable sin sesgar a priori la discusión hacia las idiosincrasias de la información y de la transmisión genética” (2002, 588). El dominio de la información, entonces, se extiende incluyendo todas las formas de herencia, y no sólo la herencia genética. Así, se puede plantear una serie de preguntas relativas a sistemas de herencia muy distintos desde un marco conceptual común, por ejemplo: ¿Existen sistemas específicos dedicados a la copia de la información? ¿Puede la información latente (no expresada) ser transmitida? ¿Cuál es la dirección de la transmisión de la información heredable? Sin embargo, a pesar de la ventaja de permitir dicha comparación, esta propuesta comparte problemas con aquélla de Maynard Smith al apelar también a un criterio seleccionista.

5.3 Información como contenido instruccional [↑](#)

Una vía alternativa para defender las descripciones informacionales es hacer foco sobre las características a nivel molecular de los procesos genéticos que parecen motivarlas. Ulrich Stegmann (2005) ha optado por esta vía, analizando los procesos de síntesis dirigidas por plantillas (replicación y síntesis de proteínas) y la noción de instrucción. Su argumento es que “Como plantillas para la síntesis de macromoléculas, los ácidos nucleicos determinan sus productos de una manera que es constitutiva de las instrucciones en general. Por lo tanto, es legítimo atribuir contenido instruccional a plantillas moleculares” (Stegmann 2005, 426).

La vinculación entre la noción de contenido instruccional y la noción de información permite a Stegmann defender las descripciones informacionales en biología.

La idea heredada acerca de la información genética incluye tres propiedades semánticas que son, en realidad, tres propiedades de las instrucciones en general: *aboutness* (los genes contienen información acerca de aspectos del organismo); *capacidad de almacenamiento* (se conserva sea o no sea expresada); y *capacidad de error* (es capaz de ser expresada correcta o incorrectamente).

Para apreciar las moléculas de ácidos nucleicos como instrucciones naturales hay que advertir primero que son instancias de *tuplas ordenadas*, definidas por: (i) el número, (ii) la clase de sus elementos y (iii) el orden lineal de sus elementos. El apareamiento de las bases (A-T, C-G), por su parte, instancia una regularidad química del tipo “si X , entonces Y^* es integrada”, donde X son tipos de plantillas, e Y^* son componentes del producto. La *identidad* de los productos sintetizados está determinada por estas reacciones regulares y por la presencia de un componente particular en una posición dada de la plantilla que restringe la cantidad de reacciones posibles. Las plantillas determinan también el *número* de los componentes del producto y el *orden lineal* de los componentes del producto. Si una sección dada de la plantilla consiste en ACG, las reacciones serán “si A, entonces T^* ”, “si C, entonces G^* ”, “si G, entonces C^* ”, dando como resultado el producto $T^*G^*C^*$.

Analizando casos familiares de instrucciones, Stegmann concluye que: “P *instruye* la elaboración de Q si P determina Q mediante la especificación, por adelantado, de la clase y el orden de las operaciones que producen Q si esas operaciones son llevadas a cabo” (2005, 434). Estas especificaciones son, pues, el *contenido instruccional*.

Resta mostrar cómo pueden ser naturalizadas las propiedades semánticas de las instrucciones artificiales para que



puedan aplicarse legítimamente a entidades bioquímicas. Las instrucciones artificiales son acerca de los procedimientos que conducen a Z, más bien que acerca de Z y lo mismo ocurre con las plantillas moleculares: su contenido es acerca de la síntesis de sus productos más que acerca del producto mismo. Sin embargo, cotidianamente nos referimos a las instrucciones como conteniendo *información* y no como teniendo un *contenido instruccional*; en estos casos, 'información' y 'contenido instruccional' son sinónimos. Así, la noción de instrucción sirve como puente para llegar a la de información.

Las instrucciones artificiales pueden ser implementadas de modo incorrecto cuando los procesos y su orden no se realizan según lo especificado. En el caso de las instrucciones moleculares, hay error en la expresión cuando las reacciones bioquímicas no instancian las regularidades especificadas por los componentes de la plantilla. También pueden ser almacenadas para implementarlas en otro momento: un segmento de ADN puede, en un momento dado, no servir de plantilla, pero nunca diríamos por esto que no contiene información (podría expresarse en un momento ulterior o haberlo anteriormente).

Con este enfoque se captura la exclusividad de los genes en tanto entidades informacionales, pues para Stegmann hay que preservar los casos que resultan paradigmáticos para los biólogos. En relación con la cuestión del dominio, esto puede significar incluir algún otro factor además de los ácidos nucleicos, pero siempre dentro de "límites razonables" para los biólogos. Godfrey-Smith ha afirmado, contra algunas versiones de la teleosemántica, que "Las piernas son para caminar, pero no representan el caminar" (2008, 108). Para Stegmann, atribuir información semántica a las piernas porque fueron seleccionadas para caminar parece ser consecuencia inevitable de un enfoque teleosemántico, y ejemplifica la clase de afirmaciones que estarían más allá de todo límite razonable.

El enfoque instruccional se presenta como superior respecto de otros porque, de acuerdo con Stegmann, resulta más cercano a los casos paradigmáticos en los que se habla de información y a las afirmaciones iniciales de Crick, porque está libre de los problemas de otras propuestas y porque su noción de instrucción se puede vincular con la idea de información sin artificios. Con todo, Stegmann reconoce una limitación, que tiene que ver con la cuestión del alcance. Hasta aquí, la argumentación justifica la idea de que las plantillas contienen información acerca de sus productos inmediatos, pero todavía no alcanza para justificar que el ADN contenga información sobre las proteínas, cuya síntesis está mediada por la síntesis del ARNm. Sin embargo, el argumento se puede extender, concibiendo el ARNm como otra tupla ordenada. Con todo, el ADN provee información sobre la proteína sólo si el transcrito de ARN no es editado antes de la traducción. Dado que en eucariotas esta edición es usual, sólo el ADN bacterial provee información sobre las proteínas, mientras que el ADN eucariota sólo contiene información para la transcripción y replicación.

5.4 Información como contenido representacional [↑](#)

En muchas de las respuestas al problema de la información biológica, no ha habido suficiente atención al rol *consumidor* de dicha información. Nicholas Shea (2007, 2011a, 2011b) ha acudido a la teleosemántica para identificar y enfatizar la existencia de un consumidor de la información genética. Argumenta, además, que no basta con requerir que las entidades portadoras de información tengan funciones evolutivas.

Partiendo de estos antecedentes, Shea elabora su propia teoría del contenido, que denomina *infoteleosemántica* ('Infotel semantics'). La infoteleosemántica se aplica a sistemas compuestos por tres subsistemas: un productor, una serie de intermediarios, y un consumidor. Productor y consumidor interactúan mediante un rango de intermediarios, y el consumidor responde a un rango de diferentes representaciones produciendo un rango de diferentes outputs como respuesta. En estos sistemas, una instancia r del tipo R tiene un contenido cuando un sistema lo trata como representante de otro hecho del mundo, C. El sistema responde a la instancia r en un modo que es apropiado si se da C, y una condición importante es que exista correlación entre el R y C tal que la probabilidad de que se dé C dado que el tipo R está siendo instanciado por r sea mayor que la probabilidad incondicional de C. En el caso genético, el cuadro es el siguiente. Un gen G que produce un fenotipo P que confiere adaptación al organismo será seleccionado y pasará a tener la función evolutiva de producir P. Sin embargo, G fue seleccionado dado que se dio cierta condición ambiental, E, que es la condición de éxito evolutivo de G. Podremos afirmar que *G representa a E* (es decir, representa que E es el caso) si podemos caracterizar la producción de P mediante mecanismos del desarrollo en los que un sistema consumidor toma G como input y reacciona a G. Esta relación es semántica en la medida en que puede



resultar correcta o incorrecta y en tanto tiene condiciones de satisfacción.

Pero identificar un consumidor de los contenidos genéticos requiere distinguir, entre las diversas propiedades de los genes, sus propiedades selectivas. Mientras que muchos recursos del desarrollo son parcialmente responsables de la similitud entre generaciones, sólo tienen propiedades selectivas aquellos que son la base de fenotipos *heredables*, de modo que la heredabilidad limita el dominio de las entidades que pueden contarse como representacionales. Shea argumenta que, considerado en el tiempo evolutivo, es el sistema de desarrollo como un todo el que puede ser visto como consumidor de las representaciones, en la medida en que tiene la metafunción de responder a un rango de diferentes genotipos con un rango de diferentes fenotipos:

“(...) es el ADN del cigoto el que tiene propiedades semánticas, actuando como intermediario representacional entre generaciones. Estas representaciones son consumidas por el sistema de desarrollo como un todo para originar los fenotipos sobre los que actúa la selección natural” (Shea 2007, 325).

El contenido semántico de los genes en esta visión puede ser verdadero o falso, y sus directivas pueden resultar satisfechas o insatisfechas. G tiene un doble contenido: *indicativo*, “es el caso que C”, e *imperativo*, “desarrolla P”. El contenido indicativo puede resultar falso si el ambiente cambia y ya no es el caso que C, mientras que el contenido imperativo, por su parte, puede quedar insatisfecho, por ejemplo, si el desarrollo falla en producir P en respuesta a G.

La teoría de Shea deja abierta la posibilidad de que otros factores heredables no genéticos contengan representaciones, siendo los mecanismos epigenéticos los candidatos más viables para ser incluidos en el dominio informacional, junto con los genes. De hecho, de acuerdo con Shea, debido a la restricción de que las entidades informacionales o representacionales formen parte de un sistema de herencia, esta visión es compatible (y se complementa) con la visión no semántica de Bergstrom y Rosvall, pues “la idea de que el ADN transmite información de generación en generación sólo tiene sentido si lleva un mensaje, es decir, si tiene contenido semántico” (Shea 2011b, 183)

Para algunos, sin embargo, como mencionamos anteriormente, no es tan claro que haya una relación directa entre funciones y semántica (cf. 5.3). Por otro lado, Godfrey-Smith ha objetado que un sistema de desarrollo no puede ser genuinamente un consumidor que lea representaciones genéticas, porque los lectores deben ser dispositivos físicos, mientras que la idea de sistema de desarrollo es una abstracción. Para él, sí hay genuinos dispositivos lectores al interior de cada célula, pero de su agrupación no resulta un lector a nivel orgánico (Godfrey-Smith 2011). Ronald Planer ha revisado esta visión argumentando que la afirmación de Shea de que las representaciones son leídas en el desarrollo es imposible de mantener bajo su teoría si se sostiene al mismo tiempo que el acto de lectura comienza con la fertilización -cigoto-. Sí parece haber mayores motivaciones para describir el mecanismo de síntesis de proteínas en los ribosomas como un proceso de lectura, como tradicionalmente se ha hecho, pero este proceso no es el que interesa a Shea (Planer 2015). Otros consideran que si bien la teleosemántica, debido a su compromiso con una visión etiológica de las funciones, puede dar cuenta del significado del ADN, no logra dar cuenta de la capacidad de error o las disfunciones (que constituyen una propiedad semántica) o, al menos, que para lograrlo requiere una ontología inflada y poco naturalista (ver Kumar 2014 para una argumentación detallada).

5.5 Información regulatoria en el desarrollo [↑](#)

Recientemente se ha explorado la fertilidad del marco conceptual de los *juegos de señalización* en el contexto de la biología del desarrollo, advirtiendo que la mayor parte de la discusión filosófica refiere a la relación gen-proteína y en una visión de los genes como portadores pasivos de información (Planer 2014, 2016; Calcott 2014). Inspirándose en la noción de juego de señalización de David Lewis (1969) y Brian Skyrms (2010), Ronald Planer ha objetado el uso de la noción de *programa* del desarrollo porque no logra capturar la naturaleza informacional de los genes en su rol regulador, en tanto que el marco de juego de señalización resulta más adecuado.

En esta visión, a diferencia de otras, los genes, antes que entidades meramente portadoras de información, son los productores y *también* los consumidores de información del desarrollo. Afirma que “(...) los genes no codifican ellos mismos información regulatoria o del desarrollo, sino que más bien condicionan su comportamiento de salida en



señales que transportan esa información y que son recibidas directa o indirectamente de otros genes. De este modo, los genes mismos son los lectores de esta información regulatoria, no alguna otra entidad externa a ellos” (Planer 2014, 50).

Aunque los genes puedan ser vistos como instrucciones del tipo “si-entonces” (por ejemplo, “si se detecta concentración de la molécula X, entonces se activa la expresión de un gen G”), Planer aduce dos razones por las que la noción de programa no resulta apropiada para hablar del desarrollo. Primero, a diferencia de los casos paradigmáticos de programas (computación), no hay un *orden* según el cual deban ser ejecutadas las instrucciones durante el desarrollo, sino que lo que caracteriza al desarrollo es la simultaneidad de procesos. Segundo, no hay un *lector*, esto es, no hay ningún mecanismo por el cual las regiones promotoras del ADN sean usadas para determinar si una proteína debe ser elaborada o no.

Un juego de señalización básico requiere dos jugadores y una fuente externa que adopta un cierto estado según una distribución de probabilidades fija. Un estado w del conjunto W de posibles estados de la fuente ocurre con una probabilidad $\Pr(w)$. Entonces, el emisor observa el estado y elige una señal s de un conjunto S de señales para enviar al receptor. El receptor observa la señal y elige una acción a de un conjunto A de acciones, que tiene consecuencias (recompensas) para ambos, emisor y receptor. El emisor implementa una estrategia que mapea estados de la fuente con señales, mientras que la estrategia del receptor implementa un mapeo de señales a acciones, es decir, $S = \{s_i \rightarrow s_j\}$ y $R = \{s_i \rightarrow a_j\}$. Cuando la recompensa es la más alta para ambos, el sistema alcanza el equilibrio, y es el caso en que se da transmisión perfecta de información, pues es como si el receptor pudiera observar directamente el estado de la fuente y como si el emisor pudiera directamente actuar. En biología, la recompensa puede bien corresponder a la adaptación.

El desarrollo biológico, por su complejidad, exige un modelo de múltiples emisores y múltiples receptores y agentes que son tanto emisores como receptores. La idea de Planer es que es posible reinterpretar las instrucciones “si-entonces” en términos de una particular estrategia de un emisor, de un receptor, o de ambos. Cada una de estas instrucciones puede ser vista como un par de reglas del emisor o receptor de la forma $C(P_i, \dots, P_j) \rightarrow P_k$, y $\neg C(P_i, \dots, P_j) \rightarrow \neg P_k$, que en conjunto forman una estrategia: el gen produce la proteína P_k si se dan las condiciones (P_i, \dots, P_j) y no produce nada si estas condiciones no se dan.

Una consecuencia de aplicar este marco conceptual a las redes de regulación genética es que se evidencia una diferencia sustancial entre la herencia genética y la no genética: “sólo en el caso de la herencia genética los organismos transmiten entidades que podemos concebir como comprometidas en patrones de producción y consumo de información” (Planer 2014, 52).

Un enfoque muy semejante ha tomado Brett Calcott (2014) aplicando el marco de juegos de señalización al desarrollo, pero haciendo énfasis en el modo como la evolución, a través de mutaciones, puede reutilizar la información previamente contenida en las señales de una red de regulación génica para ejecutar una nueva tarea adaptativa, conduciendo a rápidos cambios fenotípicos.

6 Conclusiones [↑](#)

Las dificultades planteadas por el concepto de información, en biología, se deben a que aparece con mucha frecuencia, pero en una rica variedad de contextos (genética, desarrollo, evolución, epigenética, etc.), con distintas connotaciones y en conexión con una gran heterogeneidad de conceptos y fenómenos biológicos (herencia, funciones, regulación, selección natural, etc.). Este escenario ciertamente da lugar a desconfiar de o criticar el vocabulario informacional. Sin embargo, ha motivado también la reacción opuesta, tal como hemos visto a lo largo de las últimas secciones.

El escenario se vuelve aún más complejo a partir de las respuestas filosóficas al problema. Por un lado, porque las reconstrucciones o análisis más bien filosóficos del uso de las nociones informacionales en biología responden a diversas motivaciones de fondo. Por el otro, porque cada una de estas respuestas al problema abre nuevos

interrogantes y goza de sus virtudes y de sus limitaciones.

Una tercera fuente de complejidad se halla en el permanente desarrollo científico. En efecto, ciertas disciplinas biológicas que actualmente están en especial auge, por ejemplo, la postgenómica, irán arrojando nuevos datos que sin duda tendrán incidencia en la discusión filosófica, ya que podrían cuestionar o reforzar los conocimientos biológicos en los que se ha basado la discusión hasta la fecha.

Todas estas son variables que tornan una situación que *prima facie* podría parecer simple en un problema de gran complejidad. El debate, por lo tanto, se mantiene abierto y vigente.

7 Bibliografía [↑](#)

Adriaans, P. 2013. "Information". En *The Stanford Encyclopedia of Philosophy*, editado por Edward N. Zalta. URL: <http://plato.stanford.edu/archives/fall2013/entries/information/>.

Alberts *et al.* 2010. *Biología Molecular de la Célula* (5ta. Edición). Barcelona: Omega Ediciones.

Avital, E. y Jablonka, E. 2000. *Animal Traditions: Behavioural Inheritance in Evolution*. Cambridge: Cambridge University Press.

Begon, M.; Townsend, C., y Harper, J. 2006. *Ecology. From Individuals to Ecosystems* (4ta. Edición). Oxford: Blackwell Publishing.

Benner, S. 1999. "Theoretical Biology in the Third Millennium." *Philosophical Transaction of the Royal Society, London, B* 354: 1963-1965.

Bergstrom, C. y Rosvall, M. 2011a. "The Transmission Sense of Information". *Biology and Philosophy* 26: 159-176.

Bergstrom, C. y Rosvall, M. 2011b. "Response to Commentaries on 'The Transmission Sense of Information'". *Biology and Philosophy* 26, 2: 195-200.

Bogen, J. y Machamer, P. 2011. "Mechanistic Information and Causal Continuity". En *Causality in the Sciences*, editado por Phyllis Illari, Federica Russo y Jon Williamson, 845-864. Oxford: Oxford University Press.

Branson, H. R. 1953. "A Definition of Information from the Thermodynamics of Irreversible Processes". En *Essays on the Use of Information Theory in Biology*, editado por H. Quastler, 25-40. Urbana: University of Illinois Press.

Carnap, R. y Bar-Hillel, Y. 1952. *An Outline of a Theory of Semantic Information*. Massachusetts: MIT Press.

Calcott, B. 2014. "The Creation and Reuse of Information in Gene Regulatory Networks". *Philosophy of Science* 81(5): 789-890.

Crick, F. 1958. "On Protein Synthesis". *Symposium of the Society of Experimental Biology* 12: 138-163.

Darden, L. 2006. "Flow of Information in Biological Mechanisms". *Biological Theory* (3): 280—287.

Dretske, R. 1981. *Knowledge and the Flow of Information*. Cambridge, MA: MIT Press.

Floridi, L. 2014. "Semantic Conceptions of Information". En *The Stanford Encyclopedia of Philosophy*, editado por Edward N. Zalta. URL: <http://plato.stanford.edu/archives/spr2014/entries/information-semantic/>.

Gerstein, M.; Bruce, C.; Rozowsky, J.; Zheng, D.; Du, J.; Korb, J.; Emanuelsson, O.; Zhang, Z.; y Snyder, M. 2007. "What Is a Gene, post-ENCODE? History and Updated Definition." *Genome Research* 17: 669-681.



- Gilbert, S. 2010. *Developmental Biology* (9na. edición). Massachusetts: Sinauer Associates.
- Godfrey-Smith, P. 2011. "Senders, Receivers, and Genetic Information: Comments on Bergstrom and Rosvall". *Biology and Philosophy* 26: 177-181.
- Godfrey-Smith, P. 2008. "Information in Biology". En *The Cambridge Companion to the Philosophy of Biology*, editado por D. Hull y M. Ruse, 103-119. Cambridge: Cambridge University Press.
- Godfrey-Smith, P. 2006. "Mental Representation, Naturalism, and Teleosemantics". En *Teleosemantics*, editado por G. Macdonald y D. Papineau. New York: Oxford University Press.
- Godfrey-Smith, P. 2004. "Genes Do Not Encode Information for Phenotypic Traits". En *Contemporary Debates in Philosophy of Science*, editado por Christopher Hitchcock, 275-289. Oxford: Blackwell Publishing Ltd.
- Godfrey-Smith, P. 2000a. "On the Theoretical Role of 'Genetic Coding'". *Philosophy of Science* 67: 26-44.
- Godfrey-Smith, P. (2000b). "Information, Arbitrariness and Selection. Commentaries on Maynard Smith". *Philosophy of Science* 67: 202-207.
- Godfrey-Smith, P. y Sterelny, K. 2016. "Biological Information". En *The Stanford Encyclopedia of Philosophy*, editado por Edward N. Zalta. URL: <http://plato.stanford.edu/archives/fall2008/entries/information-biological/>.
- Griffiths, P., y Stotz, K. 2013. *Genetics and Philosophy. An Introduction*. Cambridge: Cambridge University Press.
- Griffiths, P. 2001. "Genetic Information: A Metaphor in Search of a Theory". *Philosophy of Science* 68(3): 394-412.
- Griffiths, P. y Gray, R. 1994. "Developmental Systems and Evolutionary Explanation". *Journal of Philosophy* 91: 277-304.
- Jablonka, E. 2002. "Information: Its Interpretation, Its Inheritance and Its Sharing." *Philosophy of Science* 69: 578-605.
- Jablonka, E. 2001. "The systems of Inheritance". En *Cycles of Contingency*, editado por S. Oyama, P. Griffiths y R. Gray, 99-116. Cambridge: MIT Press.
- Jablonka, E. y Lamb, M. 2005. *Evolution in Four Dimensions*. Cambridge: MIT Press.
- Jablonka, E.; Lamb, M. y Avital, E. 1998. "Lamarckian Mechanisms in Darwinian Evolution". *Trends in Ecology and Evolution* 13: 206-210.
- Jacob, F. 1999 [1970]. *La Lógica de lo Viviente. Una Historia de la Herencia*. Barcelona: Tusquets Ediciones.
- Kay, L. 2000. *Who Wrote the Book of Life? A History of the Genetic Code*. Stanford, CA: Stanford University Press.
- Keller, E. F. 2003. *Making Sense of Life. Explaining Biological Development with Models, Metaphors, and Machines*. Cambridge: Harvard University Press.
- Kjosavik, F. 2014. "Genes, Structuring powers and the Flow of Information in Living Systems." *Biology and Philosophy* 29 (3): 379-394.
- Koonin E. V. 2016. "The meaning of biological information". *Phil. Trans. R. Soc. A* 374: 20150065.
- Kumar, L. 2014. "Information, Meaning, and Error in Biology." *Biological Theory* 9: 89-99.
- Levy, A. 2011. "**Information in Biology: A Fictionalist Account**". *Noûs* 45(4): 640-657.
- Lewis, David. 1969. *Convention*. New York: Wiley-Blackwell.



- Linschitz, H. 1953. "The Information Content of a Bacterial cell". En *Essays on the Use of Information Theory in Biology*, editado por H. Quastler, 251-262. Urbana: University of Illinois Press.
- Machamer, P.; Darden, L. y Craver, C. 2000. "Thinking About Mechanisms". *Philosophy of Science* 67(1): 1-25.
- Magurran, A. 2004. *Measuring Biological Diversity*. Oxford: Blackwell Publishing.
- Maynard Smith, J., y Szathmary, E. 1999. *The Origins of Life: From the Birth of Life to the Origin of Language*. Oxford: Oxford University Press.
- Maynard Smith, J. 2000a. "The Concept of Information in Biology". *Philosophy of Science* 67: 177-194.
- Maynard Smith, J. 2000b. "Reply to Commentaries". *Philosophy of Science* 67(2): 214-218.
- Millikan, R. 1984. *Language, Thought, and other Biological Categories*. Massachusetts: The MIT Press.
- Moffatt, B. 2008. *Informational Representations of Biological Function*. Ph. D. Dissertation, University of Minnesota (3321922).
- Odling-Smee, J. 2007. "Niche Inheritance: A Possible Basis for Classifying Multiple Inheritance Systems in Evolution". *Biological Theory* 2 (3): 276-289.
- Odling-Smee, J. 2010. "Niche inheritance". En *Evolution. The extended synthesis*, editado por M. Pigliucci y G. Müller, 178-207. Cambridge: The MIT Press.
- Oyama, S. 2000. "Causal Democracy and Causal Contributions in Developmental Systems Theory." 67, *Supplement. Proceedings of the 1998 Biennial Meetings of the Philosophy of Science Association. Part II: Symposia Papers*, S332-S347.
- Oyama, S. 1985. *The Ontogeny of Information: Developmental Systems and Evolution*. Cambridge: Cambridge University Press.
- Oyama, S.; Griffiths, P. y Gray, R. (eds.). 2001. *Cycles of Contingency: Developmental Systems and Evolution*. Cambridge: The MIT Press.
- Papineau, D. 1987. *Reality and Representation*. Oxford: Blackwell.
- Planer, R. 2016. "Are Genetic Representations Read in Development?" *The British Journal for the Philosophy of Science* 67: 997-1023.
- Planer, R. 2014. "Replacement of the 'Genetic Program' Program." *Biology and Philosophy* 29: 33-53.
- Quastler, H. 1958. "The Status of Information Theory in Biology: a Round-table Discussion". En *Symposium on Information Theory in Biology*, editado por H. Yockey, 399-402. New York: Pergamon Press.
- Rheinberger, H. J., Müller-Wille, S. y Meunier, R. 2015. "Gene". En *The Stanford Encyclopedia of Philosophy* (Spring 2015 Edition), editado por Edward N. Zalta. URL: <http://plato.stanford.edu/archives/spr2015/entries/gene/>.
- Sarkar, S. 2005a. "Decoding "Coding": Information and DNA". En *Molecular Models of Life. Philosophical Papers on Molecular Biology*. Cambridge: The MIT Press.
- Sarkar, S. 2005b. "Biological Information: A sceptical Look at Some Central Dogmas of Molecular Biology". En *Molecular Models of Life. Philosophical Papers on Molecular Biology*. Cambridge: The MIT Press.
- Sarkar, S. 2005c. "How Genes Encode Information for Phenotypic Traits". En *Molecular Models of Life. Philosophical Papers on Molecular Biology*. Cambridge: The MIT Press.



- Sarkar, S. 2004. "Genes Encode Information for Phenotypic Traits". En *Contemporary Debates in Philosophy of Science*, editado por Christopher Hitchcock, 259-274. Oxford: Blackwell Publishing Ltd.
- Sarkar, S. 2000. "Information in Genetics and Developmental Biology: Comments on Maynard Smith". *Philosophy of Science* 67: 208-213.
- Shannon, C. 1948. "The Mathematical Theory of Communication". *Bell System Technical Journal* 27: 379-423.
- Shea, N. 2007. "Representation in the Genome and in other Inheritance Systems". *Biology and Philosophy* 22: 313-331.
- Shea, N. 2011a. "Developmental Systems Theory Formulated as a Claim about Inherited Representations". *Philosophy of Science* 78(1): 60-82.
- Shea, N. 2011b. "What's Transmitted? Inherited Information". *Biology and Philosophy* 26(2): 183-189.
- Skyrms, B. 2010. *Signals: Evolution, Learning, & Information*. Oxford: Oxford University Press.
- Stegmann, U. 2013a. "On the 'Transmission Sense of Information'". *Biology and Philosophy* 28(1): 141-144.
- Stegmann, U. 2013b. "Introduction. A Primer on Information and Influence in Animal Communication". En *Animal Communication Theory: Information and Influence*, editado por U. Stegmann, 1-39. Cambridge: Cambridge University Press.
- Stegmann, U. 2012. "Varieties of Parity". *Biology and Philosophy* 27(6): 903-918.
- Stegmann, U. 2009. "DNA, Inference and Information". *British Journal for the Philosophy of Science* 60: 1-17.
- Stegmann, U. 2005. "Genetic Information as Instructional Content". *Philosophy of Science* 72(3): 425-443.
- Stegmann, U. 2004. "The Arbitrariness of the Genetic Code". *Biology and Philosophy* 19: 205-222.
- Sterelny, K. 2000. "The 'Genetic Program' Program: a Commentary on Maynard Smith on Information in Biology". *Philosophy of Science* 67: 195-201.
- Sterelny, K. y Griffiths, P. 1999. *Sex and Death. An Introduction to Philosophy of Biology*. Chicago: The University of Chicago Press.
- Stuart, C. I. J. M. 1985a. "Physical Models of Biological Information and Adaptation." *Journal of Theoretical Biology* 113: 441-454.
- Stuart, C. I. J. M. 1985b. "Bio-Informational Equivalence." *Journal of Theoretical Biology* 113: 611-636.
- Šustar, P. 2007. "Crick's Notion of Genetic Information and the 'Central Dogma' of Molecular Biology". *The British Journal of Philosophy of Science* 58(1): 13-24.
- Szathmáry, E. y Maynard Smith, J. 1995. *The Major Transitions in Evolution*. Oxford: Oxford University Press.
- Waters, C. K. 2007. "Causes that Make a Difference". *The Journal of Philosophy* 104: 551-579.
- Weber, M. 2005. *Philosophy of Experimental Biology*. Cambridge: Cambridge University Press.
- Williams, G. 1992. *Natural Selection: Domains, Levels and Challenges*. Oxford: Oxford University Press.
- Yockey, H. 1992. *Information Theory and Molecular Biology*. Cambridge (UK): Cambridge University Press.

8 Cómo Citar [↑](#)

Ferreira Ruiz, María J. y Cerezo, María. 2017. "Información biológica". En Diccionario Interdisciplinar Austral, editado por Claudia E. Vanney, Ignacio Silva y Juan F. Franck. URL=http://dia.austral.edu.ar/Información_biológica

9 Derechos de autor [↑](#)

DERECHOS RESERVADOS Diccionario Interdisciplinar Austral © Instituto de Filosofía - Universidad Austral - Claudia E. Vanney - 2016.

ISSN: 2524-941X

10 Herramientas académicas [↑](#)

Entradas relacionadas

[Función biológica](#)

[Epigenética](#)

[Teoría de la información de Claude E. Shannon](#)

11 Agradecimientos [↑](#)

Debemos gratitud a Laura Nuño de la Rosa, Vanessa Triviño, Cristina Villegas, y dos revisores anónimos por sus valiosas observaciones. Esta contribución fue escrita bajo el amparo de los proyectos de investigación sobre *Temas Contemporáneos en Metafísica de las Ciencias Biológicas* financiados por la Fundación Séneca (ref. 19489/PI/14) y por el Ministerio de Economía y Competitividad del Gobierno de España (ref. FFI2013-47849-P); por el Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Tecnológicas (CONICET) de Argentina; y por la Agencia Nacional de Promoción Científica y Tecnológica, Argentina (ref. PICT-2014-2812).