

Estudio epistemológico del desarrollo del
conocimiento acerca de la genética al incorporar
diferentes niveles de la realidad

Tesis

que para la obtención del grado de

Doctor en Humanidades

con especialidad en

Historia y Filosofía de la Ciencia

presenta

Luis Eduardo Acevedo Gómez

México D.F.

Noviembre de 2004



Casa abierta al tiempo

**UNIVERSIDAD AUTONOMA
METROPOLITANA**

UNIDAD IZTAPALAPA

ESTUDIO EPISTEMOLOGICO DEL DESARROLLO DEL
CONOCIMIENTO ACERCA DE LA GENETICA AL
INCORPORAR DIFERENTES NIVELES DE LA REALIDAD

T E S I S

QUE PARA LA OBTENCION DEL GRADO DE
**DOCTOR EN HUMANIDADES
CON ESPECIALIDAD EN
HISTORIA Y FILOSOFIA DE LA CIENCIA**
P R E S E N T A :
LUIS EDUARDO ACEVEDO GOMEZ

UNIVERSIDAD
METROPOLITANA

MEXICO, D. F.

DIRECCION

NOVIEMBRE DE 2004

Indice

página

Prefacio	viii
--------------------------------	------

Capítulo I: Trasfondo del problema

Propósito	1
El concepto de 'realidad'	1
Trasfondo del problema: la determinación y las leyes científicas	4
La ley científica	6
Los niveles de la realidad	6
Los niveles de la realidad desde la perspectiva de la filosofía de la ciencia contemporánea	10
Los objetos de estudio de las disciplinas	13
Aspectos epistemológicos de las disciplinas	13
Aspectos sociales de las disciplinas	15
Objetivos de la investigación	15

Capítulo I: Aspectos históricos de la genética clásica

Propósito	17
El caso de la genética de Mendel	17
El caso de la genética mendeliana	18

Capítulo III: Aspectos históricos de la bioquímica de la herencia

Propósito	26
El caso de la bioquímica de la herencia	26

Capítulo IV: Reconstrucciones modelo-teóricas de las teorías genéticas

Propósito	46
Concepciones sintáctica y semántica de las teorías	46
Comentarios en torno a los conceptos de 'elemento teórico' y 'red teórica'	50

Nota acerca de las reconstrucciones	52
La función λ y las reconstrucciones de las teorías de la genética	52
Teoría de la hibridación de Mendel (THM)	54
Teoría medeliana de la herencia (TMH)	61
Teoría cromosómica de la herencia (TCH)	70
Teoría bioquímica de la herencia (TBH)	79
 Capítulo V: Los “rompecabezas” y la actividad científica	
Propósito	95
Los rompecabeza kuhnianos	95
Los niveles de la realidad y el descubrimiento científico según Bhaskar	96
El caso de la genética	98
Modelos, ejemplos y diagramas y los niveles de la realidad	99
Definición del problema de la herencia	100
El salto de nivel asociado a THM	100
Lo descriptivo y lo explicativo	101
Los huecos asociados a THM	101
La transición de THM a TMH	102
Los huecos asociados a TMH	103
La transición de TMH a TCH	104
Los huecos asociados a TCH	105
La transición de TCH a TBH	106
Los huecos asociados a TBH	107
Análisis de THM	107
Análisis de TMH	108
Análisis de TCH	109
Análisis de TBH	109
 Capítulo VI: Análisis de los tipos de determinación presentes en la genética	
Propósito	111

Los tipos de determinación de acuerdo con Bunge	111
Los tipos de determinación están conectados	112
La determinación y su relación con la explicación	112
Explicaciones de índole causal	113
Explicaciones de índole no causal	114
Ejemplo de la física	115
Otros ejemplos de determinación	117
La determinación y las reconstrucciones conjuntistas	121
La determinación en THM	121
La determinación en TMH	122
La determinación en TCH	123
La determinación en TBH	124
Capítulo VII: Análisis de la trayectoria de progreso de la genética	
Propósito	126
Modelo de progreso científico de Kitcher	126
Progreso conceptual	127
Progreso explicativo	128
La práctica científica consensuada	129
El lenguaje científico y la dinámica del cambio conceptual	130
El concepto de significatividad	131
Otros tipos de progreso	132
El progreso científico y el realismo	133
Modelo de progreso científico de Laudan	134
Los problemas empíricos	135
Los problemas empíricos sin resolver	136
Los problemas empíricos resueltos	136
Los problemas empíricos anómalos	137
Los problemas conceptuales	139
Los problemas conceptuales internos	139
Los problemas conceptuales externos	140

La fuente de problemas conceptuales	140
El progreso asociado a THM	141
El progreso asociado a TMH	143
El progreso asociado a TCH	145
El progreso asociado a TBH	147
 Capítulo VIII: Resumen y conclusiones	
Resumen y conclusiones del capítulo I	151
Resumen y conclusiones de los capítulos II y III	152
Resumen y conclusiones del capítulo IV	153
Resumen y conclusiones del capítulo V	155
Resumen y conclusiones del capítulo VI	157
Resumen y conclusiones del capítulo VII	159
Autocríticas al modelo de análisis diacrónico	160
 Apéndice I: Reconstrucciones semiformales de las teorías genéticas	
THM	162
TMH	168
TCH	175
TBH	186
 Apéndice II: Ejemplo de una teoría que salta al nivel físico	
Ejemplo de salto de nivel para lograr una explicación de los fenómenos asociados a TBH	196
Fundamentos de bioquímica	196
El modelo	199
 Referencias	 203
 Concierto para bajo y orquesta, Segundo movimiento: Karl Ditters von Dittersdorf. Luis E. Acevedo: bajo eléctrico	

A mis padres y a mi hermano, porque sus genes aún viven en mí.

Agradecimientos

En la UAM deseo agradecer a la Dra. Yolanda Torres, al Dr. Silvio Pinto, al Dr. Edmundo Bonilla, al Dr. Héctor González, al licenciado José Atenco, al profesor Alberto López y en especial a mi director de tesis, Dr. Mario Casanueva, por el tiempo que me dedicaron durante mis estudios y el apoyo que me brindaron. También agradezco a los sinodales Dr. Axel Barceló, Dr. Raúl Alacalá, Dr. Jorge Martínez y Dr. Carlos López por el tiempo dedicado a la revisión de la tesis y por sus valiosas indicaciones y recomendaciones.

En México agradezco a mis familiares y a mis amigos en general por todo lo que me brindaron.

En Puerto Rico deseo agradecer a mis compañeros de trabajo y a mis amigos, en especial al Dr. Plácido Gómez y al profesor José M. Rivera, y a toda mi familia, en especial a mi comadre Marisa y a mi primo y compadre Miguel, por todo el apoyo que recibí de parte de ellos durante mi ausencia.

Prefacio

Cuando sometí la propuesta de investigación que dio origen a este trabajo de tesis estaba tomando como fundamento de análisis muchas de las ideas y planteamientos de la concepción heredada. En ese momento mi idea era hacer un análisis epistemológico de muchas teorías para analizar los resultados desde el punto de vista de la concepción sintáctica, la cual plantea que las teorías se definen como conjuntos de afirmaciones acerca de la realidad. Como en toda investigación, el producto final dista de lo que en un principio se piensa o se espera. Me parece que la filosofía no es una excepción, las investigaciones se van realizando y es durante este proceso que el camino que lleva al producto final se va haciendo, y este trabajo de tesis es un ejemplo.

La filosofía de la ciencia reconoció, a partir de la obra de Thomas Kuhn en la década de 1960, que la concepción que se tenía de la actividad científica no era la adecuada para dar cuenta de la misma. La rigidez con la que se maneja el conocimiento científico viéndolo como producto terminado, en lugar considerarlo como un desarrollo, junto con la idea de que la racionalidad está dada a priori, no permiten dar cuenta de muchos de los aspectos que se deben incluir en un análisis adecuado de la actividad científica. La historia de la ciencia es la que ha demostrado que dicha actividad no corresponde a la que la concepción heredada intentaba describir. Incluso aspectos como la racionalidad científica, los cuales eran fundamentales para dicha concepción, resultaban difícil de explicar.

Una de las críticas que se hicieron al modelo de desarrollo del conocimiento científico historicista era en el sentido de que dicho modelo no permite la formalización de lo que intenta dar cuenta debido a la vaguedad de sus conceptos. Además, son tantos los aspectos que hay que considerar que resulta sumamente difícil, si no imposible, lograr una reconstrucción formal de la actividad científica. Sin embargo, gracias al trabajo de algunos filósofos semanticistas durante la segunda mitad del siglo XX se demostró que esto no es del todo cierto. Algunos elementos que representan herramientas con las que se puede abordar el problema del cambio científico sí son formalizables.

En específico, en esta tesis se adopta la postura semanticista en la cual se considera que las teorías son conjuntos de modelos. La tesis fundamental que defiende al presentar este trabajo es que el considerar a las teorías como conjuntos de modelos permite una formalización del proceso de desarrollo del conocimiento científico que resulta más

adecuada para describir y dar cuenta del mismo de la que se logra con la concepción sintáctica. Las reconstrucciones que presento de las teorías acerca de la genética en términos conjuntistas atienden al caso histórico correspondiente al periodo analizado entre 1865 y 1965 aproximadamente. Debo aclarar que soy semanticista y aunque considero que la escuela estructuralista ha tenido mucha influencia en mi formación como filósofo, no me considero estructuralista, aunque reconozco que muchas de las ideas y planteamientos estructuralistas poseen buenos fundamentos.

Aunque en este trabajo se analiza el caso particular del desarrollo del conocimiento acerca de la genética, en principio se está proponiendo un modelo de análisis diacrónico de desarrollo del conocimiento científico aplicable a disciplinas que abordan un mismo problema desde diferentes niveles de la realidad. El modelo puede aplicarse a otros campos de la actividad científica no sólo para hacer análisis del desarrollo o estado del conocimiento en algún momento, sino que también de manera heurística sirve para determinar la dirección en que se debe desarrollar el conocimiento a partir del estado del mismo en un momento de manera que se puedan enfocar los esfuerzos en esa dirección. El modelo consiste de cinco aspectos: la consideración de los episodios históricos a analizar, la reconstrucción modelo-teórica de las teorías asociadas a los episodios históricos a analizar, la consideración de la actividad científica como actividad de llenar huecos en un “rompecabezas” que representa un aspecto de la realidad, el análisis de los tipos de determinación que presentan las teorías y, el análisis de la trayectoria de progreso de la ciencia en el campo considerado.

Finalmente deseo pedir al lector que no pierda de perspectiva el propósito fundamental de esta tesis que consiste en realizar un análisis epistemológico de la actividad científica. Las herramientas de análisis que propongo en mi modelo de análisis diacrónico provienen de los planteamientos de algunos filósofos como Mario Bunge, Ulises Moulines, Thomas Kuhn, Roy Bhaskar, Larry Laudan y Philip Kitcher. He añadido algunos aspectos originales a los planteamientos de algunos de estos filósofos para ajustarlos a las necesidades del análisis que me propongo a realizar. Consideraré haber tenido éxito en la presentación de esta tesis si al final logro convencer al lector de que las herramientas de análisis filosófico-científico que introduce la concepción semántica son más apropiadas que

las que provee la concepción sintáctica para dar cuenta del desarrollo de la actividad científica.

Capítulo I: Trasfondo del problema

Propósito

En esta introducción me propongo exponer dos planteamientos filosóficos de Mario Bunge. El primero acerca de los tipos de determinación que se reconocen en la actividad científica y el segundo acerca del concepto de los diferentes niveles de la realidad. Dichos planteamientos suscitaron en mi el proyecto de investigación que presento para mi tesis doctoral. Incluiré algunos planteamientos adicionales a los que presenta Bunge en torno al concepto de los niveles de la realidad y trataré de ajustar dicho concepto dentro la perspectiva de la filosofía de la ciencia contemporánea, la cual considero más adecuada para llevar a cabo el análisis epistemológico que intento realizar.

El concepto de 'realidad'

Como en esta presentación que sigue se utiliza el concepto de 'realidad' me propongo en esta sección aclarar en qué sentido se toma dicho concepto y la razón por la cual se toma en ese sentido. El predicado 'es real' y el sustantivo 'realidad' se pueden utilizar en diferentes sentidos¹. Nos interesa en particular el sentido en que lo especifica Russell y que presenta problemas en torno a la certeza del conocimiento científico:

if we take any common object of the sort that is supposed to be known by the senses, what the senses immediately tell us is not the truth about the object as it is apart from us, but only the truth about certain sense data which, so far as we can see, depend upon the relations between us and the object. Thus what we directly see and feel is merely 'appearance', which we believe to be a sign of some 'reality' behind. But if the reality is not what appears, have we any means of knowing whether there is any reality at all? And if so, have we any means of finding out what it is like? (Russell, 1912, 143).

Independientemente de lo que se pueda demostrar acerca de la certeza del conocimiento científico me propongo plantear algunos supuestos acerca de la realidad que son necesarios para dar sentido y hacer posible la actividad científica. Lo primero que se debe mencionar

es que a la ciencia le interesa conocer las verdades de hecho. A diferencia de la verdades de razón, las verdades de hecho son contingentes, esto es, el criterio de verdad está sujeto a lo que ocurra en el mundo que suponemos existe independientemente de los sujetos. A la doctrina que sostiene la existencia de un mundo independiente de los sujetos se le conoce como realismo. Sin embargo, podría ser cierto que las cosas en el mundo ocurrieran de manera arbitraria y sin ningún patrón. En un mundo que fuera de esta manera el conocimiento científico no sería posible. Si suponemos una realidad que no obedeciera a normas, patrones o regularidades, no tendría sentido conjeturar porque de entrada estaríamos admitiendo que no encontraremos lo que buscamos. Tampoco tendría sentido la contrastación del conocimiento ya que en los experimentos no se sabría si el efecto observado se debe al mecanismo en la naturaleza que se tiene como pieza de conocimiento a ser contrastada.

Teniendo estos supuestos básicos acerca de la realidad examinemos otros supuestos y características que vamos a asociar con el concepto de 'realidad'. Estos supuestos dan sentido a la actividad científica y permiten que se de de manera racional. Como la actividad científica supone la doctrina del realismo veamos cuáles son algunos tipos de realismo relacionados con nuestro problema. El realismo gnoseológico² sostiene que los seres humanos podemos conocer el mundo real aunque sea de manera parcial. Esta doctrina abarca otras tres doctrinas realistas: el realismo ingenuo, el realismo crítico y el realismo científico, que son importantes para nuestra discusión.

El realismo ingenuo es el que sostiene que el mundo es tal y como aparece a los sentidos. Esta doctrina, de acuerdo con Bunge, “es la gnoseología de los niños de corta edad, y es posible que también fuese la del hombre primitivo” (**Racionalidad y realismo**, 1985, 43). El realismo crítico es la doctrina que sostiene que el mundo es a veces diferente a lo que aparenta ser y que para poder conocerlo es necesario utilizar la razón para imaginar y poder conjeturar acerca de la parte de la realidad que no es perceptible. “En nuestro tiempo todo adulto normal y dotado de un mínimo de educación es un realista crítico”

¹ Ver 'real' y 'realidad' en el **Diccionario de Filosofía** de José Ferrater Mora (1958).

² Aunque los términos 'epistemología' y 'gnoseología' a veces se toman como equivalentes. Usaré el primero para referirme a 'lo relacionado con el conocimiento científico' y el segundo a 'lo relacionado con el conocimiento en general'.

(**Racionalidad y realismo**, 1985, 44). La última variedad de realismo, el realismo científico, es la más que nos va a interesar y es la que se discutirá con más detalle.

El realismo científico es un tipo de realismo crítico cuya doctrina principal, el científicismo, sostiene que la ciencia es la actividad humana que proporciona el mejor conocimiento de la realidad. Este tipo de realismo también sostiene que para poder alcanzar el conocimiento acerca de la realidad se deben utilizar de manera combinada la experiencia y la razón. De acuerdo con Bunge, el realismo científico no se limita a ser una doctrina gnoseológica sino que “asume un compromiso ontológico” (**Racionalidad y realismo**, 1985, 45). Este compromiso es fundamental para que la actividad científica sea racional y exitosa. Así, la investigación científica presupone al realismo científico. Bunge propone tres argumentos para justificar esta última aseveración.

El primer argumento presenta la justificación en el hecho de que cuando los científicos plantean mecanismos acerca del mundo real para dar cuenta de una serie de hechos que pueden o no ser observables, suponen que esos mecanismos propuestos representan, aunque sea de manera aproximada y sencilla, un aspecto de la realidad. También, cuando el científico fracasa no busca la causa en otro motivo que no sea la creencia de que su conocimiento acerca de la realidad es incorrecto y cuando tiene éxito se siente satisfecho por haber descifrado un aspecto del enigma de la realidad. En general, si no se supusiese que correspondieran a la realidad esos aspectos, cualquier planteamiento en la ciencia, debería ser aceptado.

El segundo argumento tiene que ver con el aspecto experimental y de interacción con la naturaleza por parte de los científicos. Una observación se hace sobre algo real. Un experimento es una operación empírica que se realiza con el fin de modificar algún aspecto del mundo real para averiguar qué sucede. Para que se de la observación hace falta tanto el observador como el objeto observado. No tendría sentido tratar de contrastar el conocimiento si no se supusiese que el objeto con el cual se va a contrastar el conocimiento se comporta, al menos aproximadamente, de acuerdo con la conjetura. Además, cuando un científico realiza un experimento en el cual el objeto del experimento es modificado, lo que está haciendo en última instancia es lograr que las cosas adquieran propiedades de una manera controlada. Esto es lo mismo que decir que se producen deliberadamente cambios legales en cosas reales.

El tercer argumento tiene que ver con la utilización de teorías³ científicas y técnicas de manera pragmática. Si las teorías científicas y técnicas no se refiriesen a objetos reales no podrían ser utilizadas para hacer predicciones ni se podrían utilizar para diseñar objetos prácticos. Las teorías no serían útiles. Tampoco se puede decir que son irrealistas por el hecho de que se consideran aproximaciones de aspectos de la realidad. Los científicos suponen que las teorías científicas son representaciones más o menos aproximadas de aspectos de la realidad. Además, están sujetas a modificaciones y son perfectibles.

Trasfondo del problema: la determinación y las leyes científicas

Los términos 'determinismo', 'determinación', 'causa', 'causalidad' y otros relacionados se han prestado a confusión debido a que en el lenguaje común se intercambian sus significados. Pero en la filosofía se deben usar con cautela si es que se quiere dar sentido al concepto que cada uno representa. Por ejemplo, a veces se toma 'causalidad' como si ésta representara la única categoría de determinación que la ciencia acepta hoy.

Autores como Bunge han propuesto un determinismo laxo que “no restringe los tipos de leyes admisibles: admite leyes estocásticas y reconoce la objetividad del azar⁴” (**La investigación científica**, 1989, 323). Por esto, según él, el determinismo causal⁵ es sólo una de las formas de la determinación⁶. No sólo menciona la determinación causal y la estocástica o estadística, sino también habla de la interacción, la determinación mecánica, la determinación teleológica y la determinación dialéctica, aunque admite que pueden haber otros tipos de determinación (**La causalidad**, 1961, 30).

³ Más adelante en el capítulo IV se discutirá en detalle el concepto de 'teoría'. Por ahora tomemos una teoría como una representación de un aspecto de la realidad que incluye la descripción de los objetos pertinentes a ese aspecto de la realidad y las relaciones que se dan entre los mismos.

⁴ Este planteamiento de Bunge representa una afirmación de tipo ontológico relacionada con el problema en la filosofía de la ciencia de determinar si las leyes estocásticas representan un tipo de determinación autosuficiente o si en su esencia se pueden reducir a otros tipos de determinación. Si se puede dar cuenta de los fenómenos que en primera instancia entendemos que obedecen leyes estocásticas con otros tipos de leyes no estocásticas, entonces el azar sería una ilusión y sería el proceso que la ciencia utilizaría para dar cuenta de esos fenómenos en lo que se descubren las leyes no estocásticas que permitan dar cuenta de lo mismo aludiendo a un tipo de determinación no-estocástica. En este trabajo de tesis no se intenta respaldar esta afirmación ontológica. La consideración del azar obedece al hecho de que es un tipo de determinación a la que recurren los científicos y debe ser considerado en cualquier análisis en el que sea pertinente.

⁵ De acuerdo con Bunge el determinismo causal “afirma la validez del principio causal” que dice que “la misma causa siempre produce el mismo efecto”.

⁶ “... el blanco de mis tiros no será el principio causal, sino tan sólo la tesis de que la causación es la única

En particular, Bunge ataca el concepto de las cadenas causales lineales ya que son simplificaciones extremas⁷. Para Bunge el aislamiento del sistema respecto de las circunstancias para llevar a cabo un estudio de los determinantes se debe llevar a cabo metodológicamente pero se debe estar consciente de que es ficticio en términos ontológicos^{8,9}. En términos ontológicos en la realidad todo suceso es producto de una serie de factores y está acompañado por otros sucesos que se relacionan con él y lo afectan. Dicho de otra manera, en las situaciones reales casi siempre hay una multiplicidad de determinantes. En este sentido la idealización es indispensable para realizar cualquier investigación. El propósito de la idealización es aislar teóricamente a un pequeño número de entidades y de características para poder concentrar el esfuerzo en ellas y lograr el entendimiento de esas parcelas aisladas de la realidad. Para lograr este entendimiento de la naturaleza empíricamente se debe provocar de manera artificial el aislamiento entre las entidades y características a menos que éstas sean lo suficientemente independientes entre sí. El aislamiento ficticio es un requisito metodológico de las disciplinas que se encargan de estudiar el mundo material. Dicho aislamiento posee un carácter teórico en el sentido de que las teorías sólo consideran los aspectos de la realidad que son de interés para el estudio. Esto está determinado por el propósito que tenga el científico que lleva a cabo el estudio. El aislamiento teórico tiene su contraparte empírica en el sentido de que experimentalmente los científicos que estudian algún fenómeno particular muchas veces necesitan proveer de manera artificial las condiciones apropiadas para lograr el aislamiento.

En la realidad un número de factores entran en juego y hacen que la simple cadena causal se desvíe de la trayectoria que se seguiría si dichos factores no participaran¹⁰. Por otro lado, aclara que aunque no existe el aislamiento estricto, en ocasiones los factores son

categoría de determinación” (Bunge, **La investigación científica**, 1989, 41).

⁷ “El principal motivo de que las cadenas causales sólo puedan resultar, en el mejor de los casos, burdas aproximaciones durante breves periodos, es que ellas suponen un aislamiento ficticio del proceso estudiado con respecto a los demás procesos” (Bunge, **La causalidad**, 1961, 141).

⁸ “El aislamiento perfecto en algún respecto es, más que un hecho, una hipótesis que el hombre de ciencia se ve obligado a formular si desea convertir los complejos sistemas interactuantes del mundo material en objetos simples, esquemáticos; en suma, ideales y por tanto, tratables” (Bunge, **La causalidad**, 1961, 144).

⁹ Lo ‘ontológico’ se tomará en este trabajo como ‘lo relacionado al ser, a la esencia o a la naturaleza de lo existente’, en distinción con el término ‘óntico’ que designa ‘lo existente o referente a los entes’.

¹⁰ “Pero, en realidad, un sinnúmero de factores despreciados –las cause accidentarie o cagioni secondarie de Galileo- están actuando constantemente sobre la trayectoria principal –la línea de acción elegida-, produciendo en ella pequeñas modificaciones que pueden acumularse y provocar, a la larga, una modificación esencial” (Bunge, **La causalidad**, 1961, 145).

poco influyentes de manera que en primera aproximación se puede ofrecer una explicación causal¹¹.

La ley científica

Antes de pasar a lo siguiente es necesario aclarar en que sentido se usará en este trabajo el término 'ley científica'. El propio Bunge afirma que se deben distinguir varios enfoques de dicho término. En particular nos interesan sólo los primeros dos que él menciona que son los que asocia a la ontología y a la epistemología. "Será necesario distinguir entre leyes (ya sea de la naturaleza, del pensamiento o de la sociedad) y enunciados legales; las primeras serán definidas como las pautas inmanentes del ser y del devenir; y los segundos, como las reconstrucciones conceptuales de aquellos" (**La causalidad**, 1961, 350). Él las distingue con los términos 'leyes₁' (pautas objetivas o leyes en el nivel ontológico) y 'leyes₂' (leyes científicas o leyes en el nivel epistemológico). El fundamento para esta distinción radica en el hecho de que las leyes₂ poseen un carácter de perfectibilidad en contraste con la constancia de las pautas de los hechos que conforman las leyes₁.

Los niveles de la realidad

El pluralismo en la ciencia reconoce que existen diferentes disciplinas científicas, cada una de las cuales se encarga de estudiar algún aspecto del mundo. Por otro lado la postura del realismo científico plantea que el conocimiento que cada una de las diferentes disciplinas científicas construye es una aproximación de la realidad, en otras palabras dicha postura alega que el mundo está constituido de manera aproximada según las teorías que la ciencia construye y que se comporta de acuerdo a las leyes que la ciencia descubre. El reconocimiento del pluralismo en la ciencia y la postura del realismo crítico lleva a la consideración de la hipótesis que plantea que "la realidad tiene una estructura de varios niveles" (**La investigación científica**, 1989, 321). Es una hipótesis ontológica el que "la realidad no es un bloque homogéneo, sino que se divide en varios niveles o sectores, caracterizado cada uno de ellos por un conjunto de propiedades y leyes propias" (**La**

¹¹ "las líneas o cadenas causales estrictas sencillamente no existen; pero en ciertos respectos, en dominios limitados y por breves intervalos de tiempo, ofrecen a menudo tanto un cuadro aproximado satisfactorio como una explicación adecuada al mecanismo esencial del devenir" (Bunge, **La causalidad**, 1961, 147).

investigación científica, 1989, 321). La definición que Bunge ofrece de 'nivel de la realidad' es:

a section of reality characterised by a set of interlocked properties and laws, some of which are peculiar to the given domain, and which are assumed to have emerged in time from other (lower or higher) levels existing previously (**Metascientific Queries**, 1959, 109).

Si nos atenemos a la definición de 'ley científica' proporcionada, las propiedades y leyes a las cuales se refiere Bunge en la anterior definición deben tener un sentido ontológico según se puede inferir del comentario de que éstas han surgido de otros niveles previamente existentes en algún momento. Según él los niveles superiores arraigan en los niveles inferiores en el sentido de que no pudieron surgir sin estos últimos. De esta manera el nivel sociocultural arraiga en el psicológico, éste a su vez en el biológico y finalmente éste en el físico. De la misma manera, puede decirse que, dentro del nivel sociocultural el subnivel histórico arraiga en el subnivel sociológico.

De acuerdo con Bunge los niveles principales son el físico, el biológico, el psicológico y el sociocultural. Estos se dividen a su vez en varios subniveles que pasan a ser objeto de estudio de las diferentes disciplinas científicas especializadas. Así, por ejemplo, podemos considerar el nivel físico como constituido del subnivel microscópico de los átomos y del subnivel macroscópico de los objetos masivos. El nivel microscópico de los átomos es investigado por la mecánica cuántica, por la química y por otras disciplinas relacionadas mientras que el nivel macroscópico es considerado por la mecánica clásica y sus especializaciones. También, el nivel sociocultural puede dividirse en el subnivel histórico y el subnivel sociológico, los principales componentes de este nivel. Cabe advertir que la división de un nivel podría ser más o menos detallada dependiendo de si existen otros subniveles dentro de ese nivel y de si dentro de cada subnivel existen otros subniveles más especializados.

Cabe señalar que esta consideración en el nivel ontológico tiene su correspondiente en el nivel epistemológico en el sentido de que cada una de las disciplinas establecidas se encarga de estudiar algún nivel o subnivel reconocido. Sin embargo, antes de pasar a discutir este aspecto epistemológico, es necesario dejar claro el sentido en que se considerará en este trabajo el concepto de nivel de la realidad en términos ontológicos. En

primera instancia, pareciera sencillo establecer una línea divisoria clara entre los diferentes niveles, por ejemplo, si decimos que primero se formaron los átomos, luego de estos se formaron los cuerpos masivos, luego los seres vivos y finalmente las inteligencias y las sociedades. Con esta consideración tan sencilla podríamos decir que así fueron surgiendo los diferentes niveles y que cada nivel está caracterizado sólo por el tipo de entidad física asociada a él. Sin embargo, a la hora de considerar el hecho de que en la definición se toman también a las leyes naturales como elementos característicos de los diferentes niveles, la línea divisoria entre estos no resulta tan fácil de reconocer. Por ejemplo, a pesar del hecho de que Bunge diría que el subnivel bioquímico en el nivel biológico es diferente al subnivel químico en el nivel físico, en términos ontológicos los hechos pertenecientes a estos dos niveles podrían estar determinados por las mismas leyes fundamentales. En este sentido no comparto con Bunge la idea de que los principales niveles son el físico, el biológico, el psicológico y el sociocultural, ya que, por ejemplo, el nivel biológico no arraiga en la totalidad del nivel físico sino sólo en parte de él, lo que concierne a las partículas microscópicas (átomos y moléculas). Prefiero, por lo tanto, darle la misma importancia a las leyes naturales que a las entidades físicas asociadas a cada nivel a la hora de definir algún nivel en particular. Por otro lado, el hecho de que en la ciencia el conocimiento se organice en redes teóricas (grupos de teorías cada una de las cuales está relacionada directa o indirectamente con las otras) en continua modificación tiende a sugerir que las líneas divisorias entre niveles no son tan fáciles de reconocer. De hecho, la aserción empírica de las teorías¹² es el único acceso que tenemos hacia el reconocimiento de los niveles de la realidad. Mediante ésta es que podemos identificar y definir un nivel de la realidad en el nivel ontológico, teniendo presente que este reconocimiento es sólo tentativo y provisional.

El planteamiento de Bunge no reconoce los dos sentidos, ontológico y epistemológico, del concepto 'nivel de la realidad', algo que se debe considerar si se está consciente de la diferencia entre el modelo y lo representado. Por ejemplo, el surgimiento de las leyes₁ en el nivel ontológico es diferente al surgimiento de las leyes₂ en el nivel epistemológico. A pesar de que en esto la ontología es previa a la epistemología, o sea, para haber ciencia antes tiene que existir objeto de estudio, para reconocer los niveles es

¹² La aserción empírica de una teoría establece que el modelo estipulado en ella corresponde a un aspecto de

necesario haber desarrollado antes el conocimiento en alguna medida. El hecho de que la norma es que las disciplinas surgen en el transcurso del tiempo mucho después de haber surgido el nivel correspondiente implica que dicha distinción es importante ya que dependiendo del contexto en que se considere (ontológico o epistemológico) las leyes asociadas al nivel adquieren un carácter diferente (leyes₁ o leyes₂). También implica que, en el nivel epistemológico, la determinación de cuál es la jerarquía entre niveles o subniveles es una cuestión que depende del estatus del conocimiento científico en un cierto momento, cosa que no sucede en el nivel ontológico. Por último, si queremos dar cuenta de la actividad científica, considerar los aspectos epistemológicos asociados a la misma es fundamental.

De acuerdo con Bunge, los niveles de la realidad poseen una autonomía relativamente alta. Por ejemplo, aunque las propiedades de la materia en términos macroscópicos dependen de la existencia de los átomos en el nivel microscópico, se entiende que éstas no se afectan considerablemente por un cambio en la configuración microscópica. De la misma manera, las configuraciones microscópicas son básicamente independientes de las condiciones macroscópicas. Por ejemplo, en el caso de un sistema de moléculas que se encuentra a una temperatura dada puede haber un número infinito de configuraciones microscópicas diferentes. Por esto se dice que ambos niveles poseen una independencia relativamente alta¹³. La independencia de los niveles ocasionaría el hecho de que la determinación no requeriría de la totalidad de las leyes sino sólo de las que rigen en ese nivel particular.

Por otro lado, la relativa independencia entre los niveles no debe cegarnos en el sentido de no admitir las conexiones entre ellos. En un sentido, los niveles están abiertos y, de acuerdo con Bunge, ésto es lo que permite la novedad. La falta de autosuficiencia permite que los disturbios que se originan en un cierto nivel puedan reflejarse en otros niveles¹⁴.

La hipótesis que de acuerdo con Bunge resulta más apropiada para la determinación de los eventos que involucran varios niveles distintos es la que él llama la hipótesis de la

la realidad.

¹³ “each level enjoys a certain amount of autonomy, self determination, or freedom” (*On the Connection Among Levels*, 1960, 64).

¹⁴ “the set of laws characterizing a given level does not ‘govern’ it completely, because contiguous levels have bearing on it” (*On the Connection Among Levels*, 1960, 65).

universalidad restringida. “Even though everything may be related to an infinity of other events in a variety of ways, it is not related to all existents in all possible lawful ways” (*On the Connection Among Levels*, 1960, 66). Las leyes que se deben considerar para la determinación son las leyes que corresponden al nivel particular y las leyes que corresponden a los dos niveles contiguos¹⁵. Esta hipótesis da lugar para la irrelevancia de gran parte de las leyes que no entran en la determinación y reduce en gran medida la cantidad de leyes pertinentes. El éxito que ha tenido la ciencia considerando sólo unas pocas leyes para lograr la determinación de manera aproximada abona en favor de esta hipótesis. A pesar de que los niveles superiores arraigan en los niveles inferiores la determinación de los eventos es tal que se puede dar en ambas direcciones¹⁶.

Los niveles de la realidad desde la perspectiva de la filosofía de la ciencia contemporánea

Como el propósito de este trabajo es hacer un análisis filosófico de la actividad científica durante un periodo histórico en el que se estuvo considerando un problema atendiendo a diferentes niveles de la realidad, resulta esencial examinar la contraparte epistemológica del concepto de ‘nivel de la realidad’ que me propongo utilizar. Para construir el conocimiento acerca de un aspecto de la realidad localizado en un nivel de la realidad particular, los científicos utilizan los recursos que ofrece su disciplina. En esta sección me propongo discutir y dar una definición del concepto de ‘nivel de la realidad en el nivel epistemológico’ que pueda utilizar para propósitos de análisis y que sea adecuada para aplicar los métodos y herramientas asociados con la filosofía de la ciencia contemporánea.

Habiendo mencionado lo importante que es establecer la diferencia entre el nivel ontológico y el nivel epistemológico de lo que Bunge llama ‘nivel de la realidad’, resulta crucial dejar claro que en esta investigación se utilizará el término en su contexto epistemológico fundamentalmente por dos razones. Primero, adoptar el enfoque ontológico

¹⁵ “Every event is primarily determined in accordance with the laws belonging to its own level or sublevel, and codetermined by some of the laws peculiar to the contiguous levels” (*On the Connection Among Levels*, 1960, 66).

¹⁶ “... although the higher natural levels are dependent on the lower ones for their emergence and subsistence, they may control some of the events at lower levels; thus, e.g., the brain cortex controls bodily functions, and

es problemático porque al hacerlo estamos involucrando el problema del realismo. Por ejemplo, el hecho de que la ciencia haya identificado los niveles conocidos hasta ahora no implica que no existan otros que se puedan descubrir en el futuro. Segundo, esta investigación sólo intenta hacer un análisis epistemológico del desarrollo de ciertas teorías genéticas de la biología que involucran diferentes niveles de la realidad en términos de las relaciones que existen entre ellas y en ningún momento se compromete con el reclamo de que el conocimiento que la ciencia ha construido es en alguna medida reflejo de la realidad.

Para nosotros el término 'nivel de la realidad en términos epistemológicos' se referirá a un modelo que se supone constituye una representación de un sector de la realidad, es la contraparte de 'nivel de la realidad en términos ontológicos'. La aserción empírica es la que asocia el modelo con la realidad.

Los historiadores, filósofos y sociólogos de la ciencia han introducido una variedad de términos para caracterizar las unidades de la actividad científica que se encargan de estudiar los diferentes niveles de la realidad de manera separada. Así, por ejemplo, se han propuesto algunos: teoría, disciplina, campo, dominio, paradigma, programa de investigación, especialidad científica, grupo de investigación, red de investigación, etcétera. En la medida en que según Bunge, los niveles fundamentales de la realidad se dividen en subniveles, podemos decir que una disciplina particular asociada a un nivel de la realidad se puede subdividir en otras subdisciplinas donde cada una de ellas puede atender o puede dar cuenta de algún subnivel particular dado. Por ejemplo, dentro del nivel físico podemos encontrar el subnivel de los objetos masivos y el subnivel atómico, entre otros varios, donde el primero es considerado por la mecánica clásica y el segundo por la mecánica cuántica. Dentro de las disciplinas también se pueden dar diferentes niveles de especificidad. Por ejemplo, considerando a la biología, podemos encontrar dentro de ella incluida a la fisiología, pero a su vez dentro de la fisiología podemos encontrar a la fisiología vascular. En el transcurso del tiempo podrían aparecer otras disciplinas nuevas. Seguiremos utilizando el término 'disciplina' en este sentido para referirnos a lo que los científicos consideran como una unidad en la cual se desarrolla el conocimiento científico perteneciente a un nivel de la realidad, ya sea general o particular. Es importante establecer que el propósito es lo que determina el alcance de una disciplina. Por ejemplo, podemos

social institutions control many economic and even brain processes" (*On the Connection Among levels*, 1960,

hablar de la biología como la disciplina que se encarga de estudiar los fenómenos de la vida, pero también podemos hablar de la genética como la disciplina que se encarga de estudiar un aspecto más específico de la vida: la transmisión de características de una generación a la siguiente y la manera en que dichas características se generan¹⁷.

De acuerdo con Bechtel los criterios que utilizan los científicos para definir la unidad de análisis, en este caso correspondiente al término 'disciplina', se pueden clasificar en tres categorías: de acuerdo con el objeto estudiado, de acuerdo con las actividades cognitivas involucradas y de acuerdo con la organización social e institucional. El primero tiene profundas raíces en la ontología pero involucra también aspectos epistemológicos, el segundo está fundamentado casi en su totalidad en aspectos epistemológicos y el tercero está fundamentado principalmente en aspectos sociales. Esta división se hace para propósitos de análisis pero se debe advertir que a la hora de darse la actividad científica los tres están íntimamente relacionados.

Los objetos de estudio de las disciplinas

Este es uno de los criterios que según Bechtel se utiliza para definir una disciplina. Así, por ejemplo, las partículas microscópicas (átomos y moléculas) son el objeto de estudio de la física cuántica, los cuerpos celestes lo son de la astronomía, los seres vivos lo son de la biología, y así sucesivamente. A pesar de que lo que determina en gran medida el dominio de una disciplina tiene una raíz ontológica, son los científicos los que deciden cuáles son los objetos que se incluyen en dicho dominio. De hecho no existen criterios específicos con los cuales se pueda resolver este asunto, menos aún que trasciendan en el tiempo. De acuerdo con Shapere las razones que dan los científicos para clasificar los objetos dentro de algún dominio en específico de una disciplina cambian a medida que la ciencia avanza. Bechtel también advierte sobre la dificultad de definir una disciplina a base de la ontología. Utilizar como criterio la manera en que los objetos interactúan para definir un nivel resulta problemático. Bechtel advierte que surgen dificultades al utilizar esta noción de interacción como criterio para separar los dominios mencionando tres razones. Primero, existen redes locales de interacción en cualquier nivel de la realidad dado que

67).

¹⁷ Resulta importante aclarar que lo que debe estar incluido como problema de una cierta disciplina es algo que en muchas ocasiones es cuestión de opinión.

generan a su vez otros dominios. Por ejemplo, en el nivel de los órganos del cuerpo, el corazón y los procesos en que participa caen dentro del dominio de la fisiología vascular, mientras que otros órganos, que se encuentran al mismo nivel, caen bajo otros dominios, como por ejemplo el cerebro que es objeto de estudio de la neurofisiología. Segundo, aún un mismo objeto puede participar en diferentes fenómenos provocando que se considere objeto de estudio de otras disciplinas. Aquí podemos dar como ejemplo otra vez al corazón que puede ser objeto de estudio de la fisiología cardiovascular o de la medicina deportiva. En cuanto a este punto, se puede decir que en gran medida lo que determina el dominio al cual pertenece un objeto es el tipo de pregunta que se hace respecto a éste. Tercero, aún considerando los mismo objetos y los mismos fenómenos, diferentes disciplinas pueden abordar el dominio común de manera diferente. Podemos mencionar como ejemplo que apoya esta afirmación la manera en que la sociología y la historia pueden abordar un cierto fenómeno social de manera distinta. A pesar de que el objeto de estudio es un criterio importante para decidir lo que caracteriza a una disciplina, la historia de la ciencia mostraría que hay que considerar otros factores cognitivos y sociales que se dan dentro de la actividad científica.

Aspectos epistemológicos de las disciplinas

Los aspectos epistemológicos se refieren fundamentalmente a las herramientas, tanto empíricas como conceptuales, que una cierta disciplina utiliza para estudiar los objetos que caen bajo su dominio. Entre los aspectos epistemológicos de una disciplina se pueden mencionar las leyes y teorías de la disciplina, los problemas principales abordados por la disciplina y los métodos y técnicas experimentales que utilizan los científicos dentro de la disciplina para atacar los problemas.

En términos epistemológicos, las disciplinas están definidas en parte por las leyes y teorías que se plantean dentro de ella. Así la mecánica está definida en parte por las leyes de Newton, la biología evolutiva por selección natural está definida en parte por las leyes que postuló Darwin y así sucesivamente. Surgen varios problemas al tomar este enfoque de las disciplinas poniendo mucho énfasis sobre las leyes y las teorías. En primer lugar, el enfoque hubiera funcionado bien si la ciencia hubiera tenido un carácter acumulativo sin pérdida. En la práctica las teorías y las leyes de las disciplinas no son permanentes. Por esta

razón esta postura hace ver el proceso de la ciencia como algo estático y no da cuenta del proceso de cambio que se da en ella en la realidad. En segundo lugar, no todas las disciplinas científicas están caracterizadas por leyes. En general, en las primeras etapas de una disciplina la norma es que no existan leyes que la definan, si bien es cierto que ningún cuerpo de conocimientos en la ciencia se da en el vacío sin algunos supuestos fundamentales. Sin embargo, a veces estos supuestos fundamentales que se aceptan en la etapa protocientífica pertenecen a otro cuerpo de conocimiento y aunque están relacionados con la disciplina, la cual se encuentra en etapa de gestación, no son considerados como parte de las leyes fundamentales que desarrollará la disciplina con el paso del tiempo. Por ejemplo, se puede pensar en la actividad astronómica que se llevaba a cabo desde la antigua Mesopotamia hasta las primeras etapas de la astronomía griega. En estos casos se necesitaba de la geometría para describir los movimientos observados, pero ninguno de los supuestos de la geometría fue considerado en algún momento como una de las leyes fundamentales de dicha actividad científica.

En cuanto a la caracterización de una disciplina de acuerdo con los problemas que intenta resolver, podemos decir que también surgen dificultades. Darden y Maull usan el concepto de 'campo' para incluir estos aspectos en el estudio. Para ellos un 'campo' es

A central problem, a domain consisting of items taken to be facts related to that problem, general explanatory factors and goals providing expectations as to how the problem is to be solved, techniques and methods, and, sometimes, but not always, concepts, laws and theories which are related to the problem and which attempt to realize the explanatory goals (Darden & Maull, 1977, 44).

Sin embargo, puede decirse que no necesariamente siempre queda claro cuál es el problema central que sirve de eje a una disciplina. En las disciplinas en las que el alcance es corto es posible que se pueda definir un problema central, pero resulta más difícil en el caso de disciplinas en las cuales el dominio es extenso, como por ejemplo en la física. Se puede añadir también que en la ciencia se da que dentro de un mismo campo los científicos a veces sustituyen unos problemas por otros.

Considerando finalmente los métodos empíricos y teóricos asociados a una disciplina, se puede decir, de acuerdo con Kuhn, que los científicos no aprenden cuáles son las leyes y teorías de su disciplina en términos abstractos, sino que también cómo aplicarlas

a casos particulares. De acuerdo con Bechtel, “One becomes ‘disciplined’ so as to perform experiments with a particular design, to use particular kinds of instruments, and to interpret results in a standardized way” (Bechtel, 1986, 12). Esto es algo característico de las disciplinas que es importante de considerar.

En resumen, al identificar una disciplina se deben considerar no sólo las leyes y teorías pertenecientes a ella, sino también los problemas que ella aborda y los métodos que utiliza para resolverlos. Todos estos planteamientos dejan ver que no es fácil establecer criterios con los que se pueda decidir cuáles son los conceptos, las descripciones o los métodos adecuados para dar cuenta de la actividad científica. Sin embargo, para propósitos de este trabajo, se considerará una disciplina como constituida de los siguientes elementos: un objeto de estudio (base ontológica), un problema central relacionado con un aspecto de la realidad que se considera soluble por una comunidad de expertos, un modelo teórico que intenta dar cuenta del aspecto de la realidad considerado y que incluye algunas leyes científicas, y un conjunto de técnicas y procedimientos metodológicos que se aplican para resolver los problemas que se intentan resolver. Tomando estas herramientas de análisis junto con otras que se discuten en el trabajo, más adelante llevaré a cabo un análisis de la actividad de la genética.

Aspectos sociales de una disciplina

Otro de los aspectos importantes a considerar a la hora de dar cuenta de la actividad científica es el aspecto social. Aunque se puede decir mucho acerca de una disciplina considerando sólo los dos aspectos ya mencionados, es de conocimiento ampliamente aceptado que los científicos identifican los problemas, aplican sus métodos de investigación y presentan sus resultados en un contexto social. Sin embargo, la consideración directa de este aspecto social está más allá de los propósitos de este trabajo, aunque se debe aclarar que por estar relacionado con los otros dos aspectos mencionados puede aparecer discutido en alguna medida en este trabajo.

Objetivos de la investigación

Este proyecto de investigación consiste en el examen de algunas teorías genéticas principales que surgieron en la biología en los siglos XIX y XX, las cuales ayudaron a

resolver el problema de la transmisión y de la acción de los genes abordando diferentes niveles de la realidad. El periodo de estudio comprende aproximadamente desde 1865 hasta 1965. El análisis obedece la secuencia propuesta en el modelo de análisis diacrónico e incluye los siguientes elementos:

- 1) Una presentación de los hechos principales que se dieron y que representaron episodios de progreso durante el desarrollo de las teorías de la genética consideradas (capítulos II y III).
- 2) Las reconstrucciones en términos conjuntistas de la teoría de la hibridación de Mendel, de la teoría mendeliana de la herencia, de la teoría cromosómica de la herencia y de la teoría de la bioquímica de la herencia (Capítulo IV). Dichas reconstrucciones se presentan en términos de diagramas en el capítulo IV y en términos semiformales en el Apéndice I.
- 3) Análisis del desarrollo del conocimiento acerca de la genética considerando dicho proceso como solución de un rompecabezas (capítulo V).
- 4) Análisis de los tipos de determinación que plantean las teorías (capítulo VI).
- 5) Análisis de la trayectoria de progreso del conocimiento acerca de la genética. Aquel análisis se hace tomando los modelos de progreso científico de Kitcher y Laudan (capítulo VII).

Capítulo II: Aspectos históricos de la genética clásica

Propósito

En los siguientes dos capítulos comentaré algunos aspectos históricos que representaron episodios de progreso¹⁸ que se dieron en el desarrollo de las siguientes teorías: teoría de la hibridación de Mendel (THM), teoría mendeliana de la herencia (TMH), teoría cromosómica de la herencia (TCH) y teoría bioquímica de la herencia (TBH), las cuales considero fundamentales en el análisis del desarrollo del conocimiento científico adquirido al incorporar diferentes niveles de la realidad. En el capítulo II incluyo solamente las primeras tres teorías. Las considero separadas de la última, la cual comento en el capítulo III, por varias razones. Primero, el texto es largo y puede cansar al lector. Segundo, el desarrollo de THM, TMH y TCH se dio de manera secuencial, y en gran medida el progreso fue acumulativo. Tercero, el desarrollo de TBH se dio de manera paralela al de las primeras tres, tanto en términos cronológicos como en términos del acercamiento al problema. En las primeras tres el enfoque estuvo más bien asociado a la citología mientras que en la última el enfoque estuvo más bien asociado a la química y la física atómica. En la genética de Mendel y en el mendelismo el enfoque se dio a través de las células que portan las entidades responsables de las características y en la genética cromosómica el enfoque se dio a través de los cromosomas, entidades que se encuentran en el nivel subcelular.

El caso de la genética de Mendel

En su etapa más primitiva la naturaleza del vínculo entre padres e hijos representaba un hueco en el conocimiento que había que llenar. Por otro lado, el descubrimiento de la célula permitió que el problema fuera llevado al nivel citológico cuando Mendel, al incorporar en su teoría a las células germinales, postuló¹⁹ en su **Versuche über Pflanzen-**

¹⁸ Los criterios de progreso se incluyen en el capítulo VII de este trabajo.

¹⁹ “Bei Pisum wurde es durch Versuche erwiesen, dass die Hybriden verschiedenartige Keim- und Pollenzellen bilden, und dass hinein der Grund für die Veränderlichkeit ihrer Nachkommen liegt. Auch bei anderen Hybriden, deren Nachkommen sich ähnlich verhalten, dürfen wir eine gleiche Ursache voraussetzen; für jene hingegen, welche constant bleiben, scheint die Annahme zulässig, dass ihre Befruchtungszellen gleichartig sind und mit der Hybriden-Grundzelle übereinstimmen. Nach der Ansicht berühmter Physiologen vereinigen sich bei den Phanerogamen zu dem Zwecke der Fortpflanzung je eine Keim- und Pollenzelle zu einer Zelle, welche sich durch Stoffaufnahme und Bildung neuer Zellen zu einem selbständigen Organismus weiter zu

Hybriden (1865) que existen unos ciertos elementos responsables de las características observables del organismo que se distribuyen y van a parar a diferentes tipos de células germinales. Durante la fecundación las células polen y huevo se unen para dar lugar a un organismo con algunas de las características que presentan los padres. Al hacer el cruce inicial entre organismos que difieren en una característica, la primera generación de híbridos presenta dicha característica de sólo uno de los padres, pero en la siguiente generación los organismos presentan características de ambos padres.

De esta manera, en la ciencia de la herencia, se dio un importante salto de nivel para lograr una explicación de lo observable reconociendo que la herencia de las características observables en el nivel del organismo puede ser explicadas, aunque de una manera muy superficial y vaga, mediante un mecanismo que ocurre en el nivel celular, un nivel diferente y subyacente al del organismo.

El caso de la genética mendeliana

A pesar de que Mendel en su trabajo postuló la existencia de ciertos elementos contenidos en las células polen o células huevo que son las responsables de la transmisión de las características de padres a hijos, en sus comienzos, a principios de siglo XX, la genética mendeliana no tenía establecida clara la diferencia entre las características observables y las entidades que causan dichos rasgos. Este hecho se reflejaba en la manera en que muchas veces en los textos no se establecía la distinción entre la característica que

entwickeln vermag. Diese Entwicklung erfolgt nach einem constanten Gesetze, welches in der materiellen Beschaffenheit und Anordnung der Elemente begründet ist, die in der Zelle zur lebensfähigen Vereinigung gelangten." (Mendel, 1865, 40). En el caso de *Pisum* se demostró experimentalmente que los individuos híbridos forman células de polen y de huevo de diferente tipo, y esta es la razón de la variabilidad en la descendencia. Para otros híbridos cuya descendencia se comporta de manera similar podemos asumir una causa similar. En el caso de los híbridos cuya descendencia permanece constante parece justificable suponer que sus células reproductoras son todas iguales y concuerdan con la célula fundamental del híbrido. Es la opinión de los fisiólogos reconocidos que, con fines de reproducción, una célula polen y una célula huevo se unen en fanerógamos dentro de una célula que es capaz de convertirse en un nuevo individuo por asimilación y formación de nuevas células. Este desarrollo obedece una ley constante, que está fundamentada en la composición material y el arreglo de los elementos que forman en la célula una unión vivificante.

"Bei Pisum ist es wohl ausser Zweifel gestellt, dass zur Bildung des neuen Embryo eine vollständige Vereingung der Elemente beider Befruchtungszellen stattfinden müsse" (Mendel, 1865, 41). En *Pisum* no hay lugar a dudas que para la formación del embrión nuevo se debe dar una unión perfecta de los elementos de ambas células reproductoras.

"Bei der Bildung dieser Zellen betheiligen sich alle vorhandenen Elemente in völlig freier und gleichmässiger Anordnung, wobei nur die differirenden sich gegenseitig ausschliessen" (Mendel, 1865, 42). En la formación de estas células todos los elementos existentes participan de una manera libre y equitativa en el arreglo, de tal manera que son sólo los diferenciados los que se separan entre sí.

se manifiestan en el individuo y lo que se transmite a través de las células gaméticas. En algunos casos, como el de Correns, quien utilizó el término ‘*Anlage*’ para referirse a las entidades que causan las características, y el de De Vries, que asoció a cada característica un elemento portador de materia responsable de la característica al que llamó ‘*pangen*’²⁰, sí se establecía la diferencia. Sin embargo, en ninguno de estos casos se fue más allá de mencionar la distinción, menos aún especificar la naturaleza del concepto. Para que se pudiera desarrollar el concepto de ‘gen’ se necesitó primero que se reconociera dicha diferencia. El primer paso que se dio en esa dirección fue el desarrollo del concepto de carácter unitario en el cual está implícita la caracterización de los organismos como un mosaico de características que se transmiten independientemente de las demás en lugar de la concepción holística de los organismos. En 1900 Hugo de Vries escribió

According to pangenesis the total character of a plant is built up of distinct units. These so-called elements of the species, or its elementary characters, are conceived of as tied to bearers of matter, a special form of material bearer corresponding to each individual character (de Vries, 1900, 107).

Sin embargo, a pesar de que reconoce la diferencia entre la característica y la causa de ella, la ley de segregación, así como otras hipótesis, las formula en términos de características y células germinales²¹. Durante este periodo de los primeros tres años del siglo XX los científicos seguían hablando en términos de células germinales y de características en lugar de caracteres unitarios. Correns postuló de manera explícita una base subyacente a cada característica pero no se expresó acerca de la posible naturaleza de eso que llamó ‘*Anlage*’²². Correns estaba más consciente de la importancia de discutir las causas de las

²⁰ “The visible phenomena of heredity are hence the expressions of the characters of minute invisible particles, concealed in that living matter. And we must, indeed, in order to be able to account for all the phenomena, assume special particles for every hereditary character. I designate these units, pagenes” (De Vries, 1900, 194).

²¹ “The pollen and ovules of monohybrids are not hybrids but belong exclusively to one or the other of the two parental types” (de Vries, 1900, 112), “In the formation of pollen and ovules the two antagonistic characteristics separate, following for the most part simple laws of probability” (de Vries, 1900, 110). Bateson en 1902 escribió. “It is this consideration which leads both Mendel and those who have followed him to assert that these facts of crossing prove that each egg-cell and each pollen grain is pure in respect of each character to which the law applies” (Bateson, 1928, 15).

²² “In order to *explain* these facts, one must assume (as did Mendel) that following fusion of the reproductive nuclei, the *anlage* for one character, the recessive one, (*green* in our case) is suppressed by the other character, the dominant one, therefore all embryos are *yellow*. The *anlage*, however, although “latent” is preserved, and prior to the definite formation of the reproductive nuclei a complete separation of the two *anlagen* occurs, so that one half of the reproductive nuclei receive the *anlage* for the recessive character, i.e. *green*, the other

características contenidas en las células germinales que las mismas características. Así, el campo comenzó con una idea vaga que pudiera identificarse como caja negra que requería ser investigada. En palabras de Bateson:

We can study the process of fertilisation and development in the finest detail which the microscope manifests to us, and we may fairly say that we have now a considerable grasp of the visible phenomena; but of the nature of the physical basis of heredity we have no conception at all. No one has yet any suggestion, working hypothesis, or mental picture that has thus far helped in the slightest degree to penetrate beyond what we see. The process is as utterly mysterious to us as a flash of lightning is to a savage. We do not know what is the essential agent in the transmission of parental characters, not even whether it is a material agent or not. Not only our ignorance is complete, but no one has the remotest idea how to set to work on that part of the problem. We are in a state in which the students of science were, in the period when it was open to anyone to believe that heat was a material substance or not, as he chooses (Bateson, 1902, 3).

Avances importantes en la dirección de progreso²³ se dieron a medida que se iban modificando conceptos e introduciendo términos en el mendelismo. Los términos ‘alelomorfo’, ‘heterocigoto’ y ‘homocigoto’ fueron introducidos por Bateson en 1902 al exponer en el primero de los cinco “*Reports to the Evolution Committee*” en donde defendía la contribución de Mendel al campo y exponía los principios básicos que adoptaría el mendelismo. La introducción del término ‘genética’ aparece por primera vez publicado por Bateson en 1906²⁴. En 1909 Johannsen acuñó los términos ‘gen’, ‘genotipo’ y ‘fenotipo’.

La distinción entre la característica y el factor que la causa que es transportado por la célula germinal comenzó a establecerse de manera más clara alrededor de 1906. La aceptación de la hipótesis simplificadora de un factor responsable de cada característica jugó un papel importante en el desarrollo conceptual del gen. Dicha hipótesis permitió que se pudieran explicar las proporciones 3:1 y 9:3:3:1 pero al descubrirse casos en los que en

half the anlage for the dominant character, i.e. yellow” (Correns, 1966, 45).

²³ El tipo de progreso que aplica principalmente en este caso es el de progreso conceptual en torno a los conceptos asociados al gen.

²⁴ “As the moment is favourable, may it be suggested that the branch of science the rapid growth of which forms the occasion of Professor Lohs’s book should now receive a distinctive name... To avoid further periphrasis, then, let us say genetics” (Bateson, 1928, 442).

los cruces las proporciones no resultaban tales se modificó la hipótesis para abrigar la posibilidad de que varios factores se combinaran para producir una variación en una característica. Así, se extendió el dominio del mendelismo para incluir casos de proporciones diferentes a las mencionadas y para 1910 la hipótesis que postulaba múltiples factores produciendo una característica era considerada un componente esencial del mendelismo.

El hecho de que aparecieron proporciones distintas a las que Mendel había reportado y la manera en que aparecían los genes recombinados también sugirieron la idea de ‘genes ligados’. William Bateson y R. C. Punnett descubrieron este fenómeno al que llamaron ‘ligadura gamética’. Algunos resultados llevaron a sugerir la idea extraña de ‘ligadura parcial’, fenómeno en el cual una pareja de genes es heredada de manera ligada sólo en un determinado número de casos. En 1905 Bateson, Saunders y Punnett reportaron resultados de ligadura parcial en *Lathyrus odoratus* (Bateson, Saunders, Punnett, 1905).

Un evento que resultó crucial para el desarrollo de la genética fue el salto del nivel citológico de la célula gamética al subnivel citológico de los cromosomas cuando en 1903 Sutton planteó la hipótesis que localiza el factor responsable de las características en los cromosomas (Sutton, 1903). Sin embargo, antes de que pudiera ser desarrollada la teoría fue necesario aceptar que la herencia se explica mediante un mecanismo de transmisión de un cierto material de una generación a la que le sigue y que el núcleo de la célula contiene la base física de la herencia siendo la cromatina su constituyente principal. Para 1903 los trabajos de Boveri (Boveri, 1903, 1904) y de Sutton (Sutton, 1903) habían demostrado que los cromosomas eran independientes en forma y función, esto es, se mantienen independientes unos de otros entre una división y la siguiente. Para 1903 los citólogos, utilizando técnicas de observación por microscopio y realizando experimentos de fertilización, ya tenían una serie de evidencias que sugerían un paralelismo entre los conceptos del mendelismo y los de la citología. “In comparison, by 1903, Mendelism, which used to be a technique of artificial breeding and the counting of characters, had reached a number of conclusions about hereditary characters that were similar to results about chromosomes” (Darden, 1991, 85). También confirmaron que los cromosomas son independientes entre sí, que ocurren en parejas (uno proveniente del padre y otro de la madre) y que la división meiótica da lugar a células germinales con un contenido

cromosómico de la mitad de las células somáticas. De forma paralela, para 1903, el mendelismo, utilizando técnicas de cruzamiento artificiales, había llegado a ciertas conclusiones acerca de la herencia que eran similares a las que había descubierto la citología, específicamente que los factores responsables de las características ocurren como parejas alelomórficas alternativas, que dichos factores son independientes entre sí y que no se alteran por estar juntos en un organismo híbrido, que la segregación resulta en la separación de los factores y que estos se recombinan también de manera independiente de manera que los factores contenidos en las células germinales de los padres se mezclan en el nuevo organismo.

Una predicción importante de la hipótesis de Sutton era el hecho de que si el agente causal de las características se encuentra localizado en los cromosomas y si existen menos cromosomas que características, entonces algunos factores deben heredarse de manera ligada. El hecho de que para 1903 no existía evidencia definitiva acerca de factores ligados se tomó como evidencia en contra de la hipótesis. La hipótesis no ganó aceptación universal de manera inmediata. Durante gran parte de la primera década del siglo XX la hipótesis de Sutton no poseía más apoyo que una mera analogía entre el comportamiento de los cromosomas y los factores genéticos. Sin embargo, esto fue más que suficiente para que algunos biólogos lo consideraran como evidencia en favor de la hipótesis que plantea que los cromosomas están constituidos por los factores mendelianos y que se dedicaran a explorar conexiones entre la citología y la genética mendeliana.

Aproximadamente entre los años 1900 a 1910 Morgan fue un crítico del mendelismo y de la teoría cromosómica. Estando interesado en el estudio de mutaciones en insectos, Morgan llevó a cabo experimentos con la mosca *Drosophila melanogaster*. En sus experimentos Morgan encontró un tipo de mutación de mosca de ojos blancos y fue su trabajo con este tipo de variante el que propició que cambiara su punto de vista con relación a la naturaleza de los factores mendelianos y su relación con los cromosomas. En sus experimentos se encontró con un tipo de mosca de ojos blancos mutante la cual cruzó con el tipo de mosca de ojos rojos. Al ver los resultados se dio cuenta de que en la generación F_2 todas las moscas con ojos blancos, o sea las mutantes, eran machos. Como conclusión planteó que el factor determinante del sexo está ligado al factor que produce el color de ojos. En 1911 encontró otro número de características que se manifestaban de manera

similar a la de los ojos blancos. Aún más, dichas características mostraban acoplamiento parcial. Todo esto llevó a Morgan a relacionar su trabajo con los hallazgos que la citología había desarrollado acerca de los cromosomas. Esto lo condujo a proponer que los factores mendelianos se encuentran localizados linealmente a lo largo de los cromosomas. Para esta época el mendelismo todavía no conocía el mecanismo mediante el cual los genes se segregan y luego se recombinan y no tenía clara la importancia de reconocer la diferencia entre los procesos de segregación y de recombinación de factores²⁵ como dos mecanismos independientes en el nivel teórico. No fue sino hasta 1919 que Morgan establece explícitamente la importancia de reconocer la diferencia entre estos procesos al proponer lo que llamó la segunda ley de Mendel sobre recombinación independiente. “If then the chromosomes carry the genes for the hereditary characters, we should expect that the genes in different chromosomes pairs will “assort” independently, and this, is what Mendel’s second law postulates” (Morgan, 1928, 79). De esta manera el mendelismo se va relacionando con el conocimiento acerca de la citología, en especial de los cromosomas.

Para poder explicar la gran variedad observada en las proporciones de las características en la progenie, y tomando la idea de *chiasmata* de Janssens, Morgan propone el mecanismo de sobrecruzamiento entre cromosomas. En el proceso de sobrecruzamiento los cromosomas homólogos intercambian secciones de manera tal que los factores que se encuentran más allá del punto de ruptura van a parar al otro cromosoma y los que se encuentran antes del punto de ruptura se mantienen en el mismo cromosoma. Morgan incluyó ambas hipótesis, la de caracteres ligados y la de sobrecruzamiento, en lo que llamó la ‘teoría de la asociación’. Refiriéndose al fenómeno de ligadura de genes dice “the associations are not absolute for occasionally the twisting of the chromosomes will be such that even regions lying lineally near together will come to lie on opposite sides of the united chromosomes (Morgan, 1911).

Las modificaciones propuestas a la teoría cromosómica por parte de Morgan y su grupo de trabajo permitieron la construcción de mapas genéticos de los cromosomas de la *Drosophila*. En estos se ilustran las posiciones de los factores localizados a lo largo de cada uno de los cuatro cromosomas de la mosca. Estos mapas genéticos se construyeron a partir de los datos recopilados de los experimentos de cruces genéticos. La frecuencia con que

²⁵ Los términos ‘segregación’ y ‘recombinación’ son mendelianos, los términos ‘sobrecruzamiento’ y

dos factores ligados se separan y van a parar a diferentes cromosomas luego del sobrecruzamiento es una medida de la separación entre ellos. Incluso algunos datos anómalos sugerían que durante el proceso de meiosis podía darse más de un sobrecruzamiento. También se postuló que el sobrecruzamiento se debe a la tensión que existe en los cromosomas debido a su enrollamiento, lo que llevó al grupo *Drosophila* a postular el fenómeno de interferencia en el cual un sobrecruzamiento impide que se de un segundo sobrecruzamiento liberando la tensión en la torsión del cromosoma²⁶.

Evidencia fuerte a favor de la teoría cromosómica la encontró Bridges cuando observó que un porcentaje bajo de hembras de la progenie exhibía ojos blancos y un porcentaje similar de machos exhibía ojos rojos. Esto contradecía el planteamiento de Morgan de que las hembras debían tener ojos rojos y los machos ojos blancos. Para explicar la anomalía, Bridges plantea el fenómeno de la no-disyunción. Las células germinales de la hembra en *Drosophila* poseen de manera anormal dos cromosomas con el factor para determinación del sexo en lugar de uno, mientras que otro porcentaje igualmente bajo no poseían ninguno. Esto, según Bridges, se debe al hecho de que en algunos casos los cromosomas con el factor para la determinación del sexo no se separan provocando que en algunas células el contenido de dicho cromosoma sea el doble mientras que en otros casos ninguno. Recalcando la importancia de esto a favor de la teoría cromosómica, Bridges escribió “there can be no doubt that the complete parallelism between the unique behavior of the chromosomes and the behavior of sex-linked genes and sex means that the sex-linked genes are located in and borne by the X-chromosomes (Bridges, 1914, 109).

La teoría cromosómica empezó a tomar consistencia. Ahora los datos acerca de las proporciones entre las características observadas en la progenie correspondían dentro de los errores experimentales a lo que predecía la teoría. Sin embargo, aunque los componentes de la teoría se formularon en el contexto de poder desarrollar la teoría cromosómica, Morgan no mencionó a los cromosomas en su planteamiento formal de la teoría del gen en 1926, posiblemente porque sabía que la teoría cromosómica era controversial. En su lugar

‘disyunción cromosómica’ son cromosómicos y el término ‘*chiasmata*’ es citológico.

²⁶ “If it should be found that crossing over takes place at a stage when the chromosomes actually are tightly twisted, there is no evident mechanism which would tend to prevent crossing over from taking place at two points near together, unless in this case we should suppose that crossing over results from the breaking of the threads at some point due to the strain of very tight twisting, and that a break in one point relieves the strain in the vicinity, thus tending to prevent another crossing over nearby” (Morgan, Sturtevant, Muller, Bridges,

enfaticó que la teoría del gen se encontraba respaldada por datos numéricos obtenidos de experimentos de cruces mendelianos²⁷.

En general, el desarrollo de este episodio de la genética ilustra lo que Diez y Moulines consideran como cambio interteórico. Este tipo de cambio de acuerdo con ellos tiene las siguientes características:

- 1) la teoría anterior al cambio es suplantada sólo en parte por la posterior,
- 2) algunos, o incluso muchos, de los conceptos, principios y casos paradigmáticos de aplicación de la primera teoría quedan incorporados, con modificaciones semánticas leves, a la segunda teoría,
- 3) la primera teoría queda reinterpretada como un caso “especial”, “idealizado” o “aproximado” de la segunda, y,
- 4) en el nivel sociológico, la comunidad científica afectada por el cambio no queda dividida en dos comunidades rivales e irreconciliables (Diez, Moulines, 450).

Los primeros dos elementos los podemos notar considerando la manera en que la teoría mantuvo su esquema explicativo fundamental desarrollando el concepto de gen y la manera en que los cromosomas intervienen en el mecanismo de la herencia. El segundo elemento lo encontramos al considerar la manera en que la teoría cromosómica puede dar cuenta del concepto de genes ligados y ligadura parcial. Finalmente, el hecho de que la teoría cromosómica fue la que finalmente fue aceptada como producto final del desarrollo de la genética clásica implica que la comunidad en general se acomodó a la nueva teoría cromosómica.

1915, 64).

²⁷ “The theory... states that the members belonging to different linkage groups assort independently in accordance with Mendel’s second law; it states that an orderly interchange- crossing-over- also takes place, at times, between the elements in corresponding linkage groups; and it states that the frequency of crossing-over furnishes evidence of the linear order of the elements in each linkage group and of the relative position of the elements with respect to each other” (Morgan, 1928, 25).

Capítulo III: Aspectos históricos de la bioquímica de la herencia

Propósito

Como continuación al capítulo anterior, en este capítulo comentaré algunos aspectos históricos que representan episodios de progreso que se dieron en el desarrollo de la teoría bioquímica de la herencia (TBH). Llamo bioquímica de la herencia a la disciplina que se encargó de investigar en ese nivel bioquímico el mecanismo de transmisión de los genes de una generación a otra, así como la manera en que se generan las características a partir de los ácidos nucleicos y de las proteínas. A diferencia de las genéticas de Mendel, la mendeliana y la cromosómica, el enfoque en la bioquímica de la herencia se dio en el nivel macromolecular.

El caso de la bioquímica de la herencia

Se asocia el comienzo de esta disciplina con el descubrimiento por parte de Friederich Miescher, en 1869, de la sustancia que luego fue identificada como ADN. Miescher estaba interesado en investigar de qué estaban compuestos los núcleos de las células de pus humano. Mas específicamente, estaba interesado en identificar y caracterizar a las proteínas, las cuales habían sido descubiertas alrededor de 1840 por Gerardus Johannes Mulder y eran consideradas como las sustancias más importantes que se pueden encontrar en la célula. Miescher se dio a la tarea de desarrollar técnicas de separación del núcleo del resto de la célula. Al fijarse en los resultados del análisis que había llevado a cabo con la sustancia que había obtenido del núcleo de las células de pus, se dio cuenta de que sus propiedades eran distintas a las de las proteínas. Estos resultados le sugirieron que la composición del núcleo es diferente a la del resto de la célula, algo que contradecía la postura aceptada en la época en el sentido de que el núcleo de la célula es una estructura de poca importancia para aquella.

Miescher reportó posteriormente haber encontrado la misma sustancia en los núcleos de las células de otros órganos y concluyó que esta sustancia, a la que llamó nucleína, no tenía las propiedades de ninguna clase conocida de proteína. Uno de los

problemas que encontró Miescher fue la ausencia de un método para obtener nucleína pura separándola de la proteína. Sin embargo, en 1889 Richard Altmann tuvo éxito y sugirió el nombre de ácido nucléico para esta sustancia ácida que contiene fósforo. Para esta época eran pocos los científicos²⁸ que creían que la nucleína es la base de la herencia. Meischer se encontraba en este grupo. La razón para esto es que la postura aceptada de la época era el considerar a las proteínas como las sustancias más importante en la célula. Los resultados de Miescher y otros posteriores dejaron claro que el núcleo de la célula se compone de dos sustancias químicas complejas: proteínas y ácido nucléico. A pesar de que aún no se sabía mucho acerca del ácido nucléico, sí se tenía un conocimiento bastante adelantado acerca de la naturaleza y composición de las proteínas. La nucleína, confinada al núcleo y que se mostraba frecuentemente difícil de observar, era considerada como una estructura en la cual se almacenan carbohidratos y fosfatos y no como la base física de la herencia.

Probablemente el primero en observar y reportar en el núcleo las estructuras alargadas que se conocen como cromosomas fue Karl Nägeli en 1842 (Nägeli, 1842). Así, los científicos se dieron a la tarea de investigar la naturaleza química del material del cual están constituidos los cromosomas. Sin embargo, este problema no fue resuelto de manera inmediata. Para que se diera un avance en este sentido primero se necesitó que los investigadores enfocaran sus esfuerzos sobre el estudio del núcleo de la célula. Posiblemente fueron tres los factores que contribuyeron a que los científicos se dedicaran más a este tipo de estudio. Primero, el descubrimiento de Miescher que demostró que en el núcleo había un componente diferente a cualesquiera encontrado en otras partes de la célula. Segundo, la observación del hecho de que los fragmentos de célula desprovistos de núcleo no pueden dividirse. Y, tercero, posiblemente lo más importante, el desarrollo de las técnicas de observación con microscopio y de técnicas de tinción de estructuras celulares que hacían posible la observación del núcleo claramente diferenciado del resto de la célula. Para 1876 ya era un hecho aceptado que el núcleo está separado del citoplasma y que se divide con alguna regularidad. En 1866 Ernst Haeckel sugirió que es el núcleo el que

²⁸ Entre 1884 y 1885 Oskar Hertwig, Eduard Strasburger, Rudolph Albert von Kölliker y August Weismann, casi simultáneamente, llegaron a la conclusión de que el núcleo contiene la base física de la herencia y que la cromatina es su constituyente principal. En 1881, E. Zacharias identificó a la cromatina con la nucleína. En 1895, E. B. Wilson planteó que la herencia se debe a la transmisión física de un compuesto químico de padres a hijos siendo este compuesto el que había identificado Zacharias.

contiene los factores necesarios para que se pueda dar la transmisión hereditaria de una generación a otra.

Para 1878 varios investigadores habían reportado acerca de las diferentes fases de la hoy llamada mitosis. Walther Flemming fue uno de ellos y escribía frecuentemente acerca de dicho proceso. Él introdujo el término ‘cromatina’ para referirse al material intensamente teñido encontrado en el núcleo. La naturaleza química de la cromatina era intrigante. En 1881 Eduard Zacharias, realizando pruebas desarrolladas por Miescher, encontró que los cromosomas eran resistentes a degradación por la pepsina, la cual podía disolver el protoplasma de la célula.

Hacia fines de siglo XIX los problemas que surgían al teñir los cromosomas eran interpretados como una de dos posibilidades. La primera, la incapacidad para teñirlos obedece al hecho de que la nucleína había sido degradada en sus componentes. La segunda, la incapacidad para teñirlos se debía al recubrimiento de los cromosomas por alguna proteína que impedía la interacción entre el tinte y los cromosomas. Si la primera posibilidad fuese correcta entonces sería poco probable que la cromatina fuese el material hereditario ya que se entendía que la sustancia hereditaria debía ser sumamente estable para que pudiera pasar de un organismo a su progenie. Sin embargo, si la segunda posibilidad fuese la correcta entonces podría ser que la nucleína fuera la base física de la herencia²⁹. Aunque no se conocía mucho acerca de la composición química de los cromosomas, un hecho fue ganando aceptación: los cromosomas no son transitorios sino que mantienen su estructura durante el proceso de división celular. En 1885 Karl Rabl planteó que los cromosomas mantienen su integridad aún durante la fase de reposo del núcleo, cuando son menos visibles.

En 1883 Edouard van Beneden llegó a una conclusión similar estudiando el proceso de fertilización en *Ascaris megalocephala*. Este organismo se caracteriza por tener espermatozoides grandes y traslucidos y también por el hecho de que el desarrollo del óvulo es fácil de observar. Los cromosomas del padre y de la madre siempre mantienen su identidad separada durante todo el proceso de desarrollo y durante todas las fases del ciclo celular. También notó que durante la formación de las células germinales el número de

²⁹ E. B. Wilson escribió: “There is, therefore, considerable ground for the hypothesis that in a chemical sense this substance is the most essential nuclear element handed on from cell to cell, whether by cell-division or fertilization” (Wilson, 1900, 358). Wilson identificó a la cromatina con la nucleína.

cromosomas se reduce a la mitad dando lugar a células con la mitad del contenido cromosómico de las demás células del organismo. Los detalles de la fertilización y de la mitosis fueron aclarándose poco a poco a medida que las investigaciones basadas en observación citológica fueron realizadas. La importancia de los cromosomas fue develándose simultáneamente. Incluso Wilhelm Roux postuló que los factores que controlan el desarrollo de un organismo se encuentran arreglados linealmente a lo largo de los cromosomas. Según él, la separación longitudinal de los cromosomas de manera desigual es la responsable de la producción de células de diferentes tipos.

Para comienzos de siglo XX la afirmación de que los cromosomas en alguna medida son los responsables de la herencia era hecha con regularidad. En 1903 Theodor Boveri realizó experimentos de fertilización y observó que los huevos fertilizados por dos espermatozoides daban lugar a núcleos que resultaban en un desarrollo anormal del organismo. Pensó que esto se debía a una distribución poco usual de los cromosomas. Además reconoció que el desarrollo normal de un organismo necesita de un conjunto particular de cromosomas, donde cada cromosoma realiza funciones distintas y por lo tanto son cualitativamente diferentes. Para esta época los cromosomas, que inicialmente se consideraban de poca importancia, eran considerados esenciales para los procesos de mitosis, de meiosis y de desarrollo embrionario. Sin embargo, la naturaleza química de los cromosomas permanecía un misterio. Temprano en el siglo XX se conocía ya la importancia de los ácidos nucleicos en el organismo, sin embargo, para lograr dar el salto del nivel citológico-genético al nivel bioquímico-genético fue necesario, primero, que se desarrollaran las técnicas mediante las cuales se pudieran analizar los ácidos nucleicos.

La estructura de los ácidos nucleicos fue investigándose a medida que avanzaba el siglo XX. En particular, los estudios de Albrecht Karl Ludwig Martin Leonard Kossel (Kossel, 1879) dejaron ver que los ácidos nucleicos poseían una estructura más compleja de lo que se pensaba. El problema inicial de Kossel era determinar si la nucleína extraída de diferentes células era idéntica en composición química. Para esto necesitaba caracterizar dicha sustancia de la manera más específica posible. En los estudios sobre la nucleína se descubrió la presencia de ciertas bases contenidas en ella. En los mismos se encontró que la cantidad de bases contenida en la nucleína era considerable. Así, aquél pensó que los tipos

de bases y las cantidades de cada una de ellas obtenidas al degradar la nucleína ayudaría a determinar las diferencias y similitudes entre los distintos tipos de nucleína.

A pesar de que Kossel reportó las fórmulas sintéticas de algunas bases descubiertas de manera correcta, dicha composición no ayudaba en la determinación de la manera en que los átomos están arreglados en la estructura. No fue sino hasta que Emil Fischer llevó a cabo análisis químicos a finales de siglo XIX (Fischer, 1897) que la estructura de las bases fue establecida. En su trabajo logró establecer la estructura molecular exacta de las bases purínicas (adenina y guanina). El término '*purine*' lo introdujo en 1898 para designar este tipo de compuesto. La estructura de las bases pirimidínicas se determinó de manera similar y paralela por H. L. Wheeler y T. B. Johnson (Wheeler, Johnson, 1903) (timina), y, Emil Fischer y G. Roeder (Fischer, Roeder, 1901) (uracilo).

En cuanto a los otros componentes de los ácidos nucleicos, el grupo fosfato se conocía desde el descubrimiento de la nucleína y fue la base para que Miescher afirmara que se trataba de una sustancia no descubierta con anterioridad. Los azúcares no fueron caracterizados sino hasta las primeras décadas de siglo XX. El problema ahora era determinar cómo estos componentes se encontraban arreglados. Sin embargo, el desarrollo de métodos satisfactorios de preparación y de purificación de los ácidos nucleicos, las herramientas físicas adecuadas con las cuales atacar el problema y los conceptos relacionados con las estructuras macromoleculares complejas, se encontraban en atraso con respecto a los primeros trabajos y las ideas acerca de la estructura de los ácidos nucleicos.

En realidad, existe un número considerable de maneras en que los tres componentes, el azúcar, la base y el fosfato, pueden asociarse para formar el ácido nucleico. Esto había sido determinado ya por Phoebus Aaron Theodor Levene. En 1893 Albrecht Kossel (Kossel, 1879) había identificado dicha azúcar como una pentosa. En 1909 Levene y W. A. Jacobs (Levene, Jacobs, 1909) tuvieron éxito aislando el azúcar contenida en el ácido nucleico de la levadura. Al comparar los resultados de sus análisis con las pentosas conocidas se dieron cuenta de que se trataba de una hasta ese momento desconocida. La identificaron como D-ribosa. Sin embargo, por otro lado, se pensaba que el azúcar contenida en el ácido nucleico de los animales era de tipo hexosa. La inestabilidad relativa de la desoxiribosa ante las condiciones necesarias para ser aislada dio lugar a esta

conclusión errónea. Este hecho retrasó la determinación de la estructura química del ADN por más de dos décadas.

En 1906, Hermann Steudel (Steudel, 1906), y en 1908, Levene y J. A. Mandel (Levene, Mandel, 1908), concluyeron que las cuatro bases contenidas en los ácidos nucleicos del Thymus se encontraban en proporciones equimoleculares. En 1909 Levene (Levene, 1909) llegó a la conclusión de que en el ácido nucleico de la levadura las bases también estaban contenidas en proporciones iguales. Estos resultados fueron confirmados por experimentos posteriores en otros organismos llevando a la aceptación de la hipótesis del tetranucleótido: las cuatro bases se encuentran en iguales proporciones en todos los ácidos nucleicos. Esta hipótesis se convirtió en un impedimento para el progreso en la determinación de la estructura del ADN porque restringía la posible variación en los ácidos nucleicos y llevaba a la conclusión de que la diferencia en el contenido de la cromatina radicaba en el contenido de proteína y no en el de los componentes del ácido. Sin embargo, de acuerdo con Portugal

what proved to be a barrier to further progress in elucidating the structure of DNA was not simply the tetranucleotide hypothesis itself but rather a lack of originality by the workers in this difficult and unfashionable field, coupled with a lack of suitable techniques at that time to study carefully the structure of the intact DNA rather than its degradation products (Portugal, 1979, 84).

Lo que indicaba que había algo incorrecto en la determinación de la estructura de los ácidos nucleicos era su clasificación. Ya se habían caracterizado dos tipos de ácido nucleico: uno que contiene el azúcar ribosa y el otro que contiene el azúcar 2-desoxiribosa. Se pensaba que la diferencia entre las plantas y los animales radica en la naturaleza del tipo de azúcar presente en su ácido nucleico. Sin embargo, en 1922 Einar Hammarsten y E. Jorpes (Hammarsten, Jorpes, 1922) encontraron el tipo de ácido nucleico que se adjudicaba a las plantas en células animales mientras que en 1924 Robert Feulgen y H. Rossenbeck (Feulgen, Rossenbeck, 1924) encontraron el tipo de ácido nucleico adjudicado a las células animales en las células de plantas. En 1898 John Masson Gulland afirmó

Until recently it was believed that without exception the nuclei of plant cells all contain one nucleic acid, whereas another nucleic acid, similarly constituted but

differing in detail, characterizes the nuclei of animal cells. This generalization, however, is no longer accurate (Gulland, 1938).

Para 1938 ya era aceptado hablar de ADN y ARN como tipos distintos de ácidos nucleicos encontrados tanto en plantas como en animales.

Otro problema fundamental en la caracterización de los ácidos nucleicos era el de su tamaño. Entre la tercera y cuarta década del siglo XX se consideraban a las sustancias que poseían un peso molecular alto como agregados de moléculas de menor tamaño. La postura contraria era la de considerar que en realidad son moléculas de gran tamaño llamadas macromoléculas o polímeros. En 1938 Gerhard Schmidt y P. A. Levene (Schmidt, Levene, 1938) determinaron el peso molecular de algunas moléculas de ADN utilizando técnicas de ultracentrifugación obteniendo como resultado valores entre 200,000 y 1,000,000 Daltons³⁰. Este resultado podía implicar que siendo al ADN una macromolécula bien podía contener en sí la información genética completa de los organismos. Sin embargo, este resultado fue obviado.

Durante las primeras décadas del siglo XX los experimentos con radiación que llevó a cabo Hermann Joseph Müller tuvieron mucha importancia. Müller (Müller 1927, 1928, 1930) encontró que la radiación podía alterar el mecanismo de la herencia. De hecho sus experimentos fueron útiles en la determinación de las estructuras celulares responsables de la herencia ya que no todas las sustancias encontradas en la célula son afectadas por la radiación. En 1941 Alexander Hollaender y C. W. Emmons (Hollaender, Emmons, 1941), estudiando los efectos de la radiación ultravioleta sobre el material genético, se dieron cuenta de que la región del espectro de luz cercana a los 2600 Å es la que produce mayores efectos sobre dicho material³¹. Sin embargo, los mismos Hollaender y Emmons malinterpretaron los resultados:

It is probably somewhat dangerous to overemphasize the importance of nucleic acid in the study of radiation effects on living cells. It is very well possible that in radiation produced mutations, the nucleic acid is only the 'absorbent' agent, then

³⁰ Un Dalton es la unidad de masa equivalente a un doceavo de la masa del isótopo de carbono más abundante (C^{12}). $1D=1.6605402 \times 10^{-27}kg$.

³¹ "The fact is outstanding that for incident energy the 2600 Å region is the most effective one producing toxic and genetic effects. This is the region which is most highly absorbed by the nuclear proteins, especially nucleic acid" (Hollaender, Emmons).

transfers the absorbed energy to the protein closely associated with it (Hollaender, Emmons, 1941).

Esta conclusión hace ver cómo en 1941 todavía los científicos tenían la concepción de la importancia de las proteínas sobre los procesos genéticos por sobre la de los ácidos nucleicos. Un desarrollo importante se comenzó a dar cuando los científicos comenzaron a enfocar sus esfuerzos sobre los mecanismos mediante los cuales el material genético produce las características.

El descubrimiento de la base molecular de la herencia se logró mediante el estudio de transformación bacteriana de un tipo genético a otro. J. A. Arkwright (Arkwright, 1921) a comienzos de la tercera década del siglo XX realizó experimentos con pneumococos caracterizando dichas bacterias bajo dos categorías: la forma virulenta que está cubierta con una capa lisa de proteína (forma S, del inglés 'smooth') y la forma no virulenta cuya capa es rugosa (forma R, del inglés 'rough'). En 1928 Frederick Griffith (Griffith, 1928) reportó haber observado la transformación genética de una bacteria. A él le interesaba investigar los factores por los cuales durante el transcurso de unos años la incidencia de un tipo de pneumonia asociada a un pneumococo había aumentado mientras que la asociada a otro había disminuído. Realizó un experimento en el cual inoculó un número de ratas de laboratorio con una solución que contenía el pneumococo no virulento tipo R y el pneumococo virulento tipo S. El resultado fue que el pneumococo tipo R se transformó al tipo S. Sin embargo, al interpretar los resultados Griffith, según era lo aceptado, prefirió considerar a las proteínas por sobre el ácido nucleico como el material hereditario

S substance... that specific protein structure of the virulent pneumococcus which enables it to manufacture a specific soluble carbohydrate. This protein seems to be necessary as material which enables the R form to build up the specific protein structure of the S form (Griffith, 1928).

En 1929 Martin Dawson (Dawson, 1929), luego de varios intentos fallidos, logró la transformación bacteriana en medios de cultivo. Este hecho resultó de suma importancia ya que finalmente se podía estudiar el fenómeno bajo condiciones controladas en el laboratorio. En un artículo publicado en 1932 Lionel Alloway (Alloway, 1932) reportó haber extraído el material responsable de la transformación bacteriana utilizando técnicas similares a las utilizadas por Miescher al descubrir la nucleína. Aunque expresó que se

debía determinar la naturaleza exacta del material obtenido, su opinión era que se trataba de una proteína.

Desde 1934 hasta 1941 Oswald T. Avery, Colin MacLeod y Maclyn McCarty trabajaron juntos en el Instituto Rockefeller. Para Avery la solución al problema se debía buscar en la capa que rodea a la bacteria:

In the case of pneumococci, virulence becomes manifest only when the cells are encapsulated, that is the so-called smooth (S) phase. Pneumococci which are devoid of capsules, that is the so called rough (R) phase, are avirulent even in the most susceptible animal species. It seems obvious that the presence of the capsule is intimately associated with the manifestation of the property of virulence. However, there is reason to think that the capsule is not alone the basic factor responsible for this property (Avery, 1941).

Luego de llevar a cabo experimentos en esta dirección, llegaron a la conclusión de que algunos de los factores responsables para la virulencia se encuentran en el interior de la célula y no están relacionados con la capa de proteínas. Utilizando técnicas experimentales lograron obtener de manera pura el material genético para luego identificar su naturaleza química. Por eliminación llegaron a la conclusión de que debía ser ácido nucleico. Finalmente, comparando las propiedades de la sustancia desconocida con las que poseían otras sustancias analizadas en estudios previos identificaron la sustancia como ADN³². A pesar de estos resultados no resultó fácil convencer a otros científicos acerca de ellos en parte porque los experimentos sobre transformación bacteriana no fueron fáciles de reproducir en otros organismos. Sólo André Boivin (Boivin, 1947) tuvo éxito con la bacteria *Escherichia coli*.

La manera en que los genes dirigen las reacciones que se dan en los organismos era de particular interés para George Beadle. Con relación a este problema, Beadle trabajó durante el transcurso de una década con Boris Ephrussi y luego con Edward Tatum. El desarrollo de las ideas sobre cómo los genes controlan los mecanismos en los organismos

³² “The data obtained by chemical, enzymatic and serological analyses together with the results of performing studies by electrophoresis, ultracentrifugation and ultraviolet spectroscopy indicate that, within the limits of the methods, the active fraction contains no demonstrable protein, unbound lipid or serologically reactive polysaccharide and consists principally, if not solely, of a highly polymerized, viscous form of desoxyribonucleic acid” (Avery, MacLeod, McCarty, 1944).

tuvo un avance importante con los experimentos de Beadle y Tatum. Para 1939 (Beadle, Law, 1938) (Tatum, 1939, 1939) (Tatum, Beadle, 1939) demostraron que las mutaciones genéticas estudiadas por el grupo *Drosophila* podrían estar específicamente correlacionadas con la producción de ciertas sustancias químicas definidas controladas por genes. Más tarde ellos mismos aclararon el tipo de correlación entre los genes y su acción sugiriendo que los genes pueden ser responsables de la producción de muchas sustancias en el organismo controlando la producción de las enzimas necesaria para la síntesis de éstas.

En lugar de estudiar a la mosca *Drosophila*, de la cual se conocía el mapa genético, y tratar de relacionar los genes con reacciones bioquímicas específicas, prefirieron seleccionar a una reacción específica para luego, por medio de radiación, inducir una mutación y averiguar cuál de los genes la controlaba. Para estos estudios escogieron el hongo *Neurospora*, el cual había sido utilizado para experimentos en genética desde 1927. Una de las ventajas que ofrece este organismo es su capacidad para crecer en un medio simple. Mediante estos experimentos se logró identificar cerca de cien genes, de los cuales muchos controlan la síntesis de vitaminas, aminoácidos y componentes de ácidos nucleicos. De estos experimentos Beadle y Tatum lograron recopilar suficiente evidencia para proponer la que se conoce como la hipótesis ‘un gen-una enzima’, en la cual se plantea que los genes controlan la síntesis de enzimas y existe un gen para cada enzima.

En 1949, Linus Pauling y sus colegas publicaron un artículo en la revista *Science* (Pauling, Itano, Singer, Wells, 1949) en el cual demostraron que la anemia falciforme (sickle cell anemia) se encuentra asociada a una estructura anormal en la molécula de hemoglobina, la proteína que se encarga de transportar el oxígeno en la sangre. Pauling y sus colegas demostraron que la hemoglobina de estos pacientes posee una carga eléctrica neta diferente a la de la hemoglobina normal. Si la presión de oxígeno es baja, la molécula adquiere una forma alargada deformando las células rojas de la sangre. Debido a esta deformación las células no pueden moverse por los capilares impidiendo la oxigenación del tejido. En 1956 y 1957, Vernon Ingram (Ingram 1956, 1957) demostró que la mutación responsable de la anemia falciforme está asociada a un cambio en una proteína cuando es reemplazado un aminoácido en la cadena. Estos resultados relacionados con la anemia falciforme fueron importantes ya que demostraron que los genes intervienen directamente

en la formación de las proteínas y determinan al detalle la naturaleza y posición de aminoácidos sencillos.

En 1952, A. D. Hershey y M. Chase publicaron los resultados de un experimento en el cual parecían convencer al mundo científico de que el ADN es el material genético demostrando que los virus que infectan y se replican en el interior de las bacterias lo logran inyectando su ADN en el interior de la célula. Las investigaciones acerca de virus que infectan bacterias, llamados bacteriófagos, tienen la ventaja de reducir el tiempo de autoduplicación y autocatálisis del virus entre 15 a 40 minutos. Por su tamaño los virus parecían encontrarse entre el nivel químico de las moléculas y macromoléculas y el nivel de la vida de la cual las bacterias son los organismos más simples. Desde 1892 se comenzó a tener la idea de que existen unas partículas submicroscópicas que pueden estar involucradas en la producción de enfermedades. El descubrimiento de algunas partículas virales que son capaces de infectar a las bacterias fue anunciado en 1915 por F. Twort (Twort, 1915) y en 1917 por F. d'Hérelle (d'Hérelle, 1917). Como un número de enfermedades se debían a diferentes tipos de bacteria, el descubrimiento de los bacteriófagos capaces de destruir bacterias trajo consigo la esperanza de que los virus podían ser útiles para combatir dichas enfermedades. Luego de un periodo de confusión acerca de la naturaleza de los virus, en 1933 Max Schlesinger (Schlesinger, 1933) aisló al virus asociado con la bacteria *Escherichia coli* de manera prácticamente pura. Al hacer análisis sobre el virus se encontró que consiste principalmente de proteínas y de ADN. En 1935 Wendell Meredith Stanley (Stanley, 1935) logró la purificación del virus del mosaico del tabaco y observó que el mismo podía entrar en una fase inanimada que fue denominada cristalización. Esto constituyó un evento revolucionario ya que el cristal era representativo de un material no viviente. Parecía como si la distinción entre lo vivo y lo inanimado había perdido algo de su validez. Este hecho causó el interés de los científicos por llevar a cabo estudios físicos y químicos sobre estos organismos biológicos poco usuales.

Para 1940 los virus se habían ya estudiado durante casi cincuenta años y los bacteriófagos durante veinticinco. La ventaja que presentan los virus para el estudio científico es que pueden proveer grandes cantidades de ADN en un tiempo sumamente corto. En este mismo año se reunieron Alfred D. Hershey, Salvador E. Luria y Max Delbrück. Esta reunión marco el comienzo de lo que se conoce como el 'grupo fago'. El

propósito principal de sus investigaciones era determinar de la manera más específica posible lo que ocurre cuando se producen más partículas de virus³³ luego de que una sola partícula de aquellos hace su entrada en el interior de una bacteria. Para esto era necesario identificar al material genético del virus.

Estudios previos hechos al virus del mosaico del tabaco demostraban que se compone en el noventa por ciento de proteína. Esto sugería, en esa época, que el material genético debía ser la proteína, aunque es importante mencionar que en otros virus la composición de proteína es menor. Sin embargo, dos piezas de evidencia importantes se hallaron que contradecían este planteamiento. Primero, los resultados de los experimentos de transformación bacteriana y, segundo, la clarificación de la composición física y química del ADN. En 1950 Seymour Cohen y R. Arbogast (Cohen, Arbogast, 1950), aplicando radiación a los bacteriófagos T2 y T4 de los cuales había aislado su ADN, concluyeron que la lesión en la partícula viral producida por la radiación ultravioleta ocurría en el ADN. Un año más tarde, J. H. Northrop (Northrop, 1951) concluyó en sus estudios que el ácido nucléico del virus podría ser la parte esencial y autocatalítica del virus y que la proteína podría ser sólo necesaria para permitir la entrada a la bacteria. Un hecho importante que permitió el avance en el estudio del proceso fue el desarrollo del microscopio electrónico. También algunas de las técnicas desarrolladas por la inmunología ayudaron al grupo fago. Como el bacteriófago contiene grandes cantidades de proteína, se pensó que era posible desarrollar y obtener vacunas de animales inmunes a ciertos virus. Así, se encontraron algunos anticuerpos contra los virus.

La culminación de los estudios de las interacciones entre bacteriófagos y las bacterias asociadas con ellos se dio con los experimentos que realizaron Alfred D. Hershey y M. Chase (Hershey, Chase, 1952) en 1952. Estos experimentos finalmente convencieron al grupo fago que el ADN es el material genético del virus. La sofisticación de las técnicas experimentales que usaba el grupo fago fue mejorando. En los experimentos que llevaron a cabo Hershey y Chase la proteína del fago y su ácido nucléico fueron marcados de manera separada con diferentes isótopos y luego introducidos en suspensiones bacterianas. Se determinaría así el porcentaje de cada isótopo (³⁵S para la proteína y ³²P para el ADN) que

³³ Estudiaron virus lisogénicos. A diferencia de los virus lisogénicos que se producen por estallido celular, los virus ciclotólicos se manifiestan luego de varias generaciones de haber incorporado su material genético.

permaneciera en la bacteria y el porcentaje que fuera eliminado. De esta manera se podía inferir cuál es el material genético del virus.

En 1947, J. Baddiley y Alexander Robertus Todd (Baddiley, Todd, 1947) publicaron una serie de artículos llamada "*Nucleotides*". Ambos trabajaron en la síntesis de nucleótidos y coenzimas y rara vez especularon sobre la estructura de los ácidos nucleicos. Sin embargo, una de las contribuciones importantes de su trabajo fue la clarificación de las propiedades hidrolíticas de los ácidos nucleicos. Para atacar este problema se necesitaba esclarecer la estructura de los productos de la hidrólisis de los nucleótidos. Esto ocasionó el mejoramiento de síntesis químicas y el desarrollo de técnicas innovadoras basadas en principios físicos para aislar y realizar análisis cuantitativos de nucleótidos. Como resultado de estas investigaciones se fueron aclarando en gran medida las estructuras del ADN y del ARN.

Un avance importante en la determinación de la estructura del ADN se dio entre 1948 y 1952 con los trabajos de Erwin Chargaff. Chargaff y sus colaboradores encontraron que las proporciones que representan los contenidos entre bases purínicas y pirimidínicas en el ADN de diferentes especies varía considerablemente. Esto contradecía la postura aceptada de que las cuatro bases se encuentran en proporciones equimoleculares. Los resultados de sus experimentos demostraron que la cantidad total de bases purínicas es igual a la cantidad de bases pirimidínicas, en particular, la cantidad de adenina es igual a la de timina y la cantidad de guanina es igual a la de citosina. Los estudios de Chargaff y sus colaboradores finalmente hicieron que se refutara la hipótesis del tetranucleótido.

Un hecho que tuvo mucha influencia aproximadamente para 1944 fue la publicación del libro de E. Schrödinger (Schrödinger, 1944) **What Is Life?**. Con su libro Schrödinger atrajo la atención de muchos físicos hacia los resultados de la genética sugiriendo que los mismos pueden explicarse mediante la mecánica cuántica. Esto representó la aplicación de las teorías y de los conceptos de la física a la biología. Para comienzos de la sexta década del siglo XX el ADN se consideraba como a un polímero de peso molecular elevado con los grupos fosfato uniendo a los desoxiribonucleósidos en las posiciones 3' y 5' de las pentosas. Aún la secuencia de bases era desconocida, aunque algunas regularidades en cuanto a la composición de aquellas había sido observada. Aunque la estructura química estaba ya determinada, su geometría molecular aún no se conocía.

Un hecho que resultó crucial para la determinación de la estructura del ADN fue la incorporación en la biología molecular de las técnicas de cristalografía de rayos X. El espectrómetro de rayos X y el análisis de Fourier permitían la determinación de la estructura y geometría de las sustancias cristalinas³⁴.

La primera fotografía de rayos X tomada a la molécula de ADN la desarrollaron William Thomas Astbury y Florence Bell (Astbury, Bell, 1938-1) en 1938. Aunque estos primeros resultados fueron un tanto oscuros, algunas conclusiones importantes se dieron. Primero, el patrón mostraba una cierta regularidad. Segundo, la razón longitud:ancho era de aproximadamente 300:1, lo que indicaba que el peso molecular debía encontrarse entre 500,000 y 1,000,000 Daltons. Tercero, una periodicidad de 3.3 Å representaba la separación entre los nucleótidos, cuyos planos se encontraban perpendiculares al eje longitudinal de la molécula para formar una estructura relativamente rígida. Astbury y Bell (Astbury, Bell, 1938-2) dieron una representación propia de la molécula, aunque es importante aclarar que el interés de ellos radicaba principalmente en determinar cómo esta estructura y su periodicidad estaban relacionadas con las proteínas. De nuevo, la postura de la importancia de las proteínas por sobre los ácidos nucleicos se manifestó.

Los estudios más detallados de difracción de rayos X hechos a la molécula de ADN fueron realizados por Maurice Wilkins (Wilkins, Gosling, Seeds, 1951) (Wilkins, Randall, 1953) y Rosalind Franklin (Franklin, Gosling, 1953). Ambos trabajaron en el laboratorio de física de J. T. Randall donde se realizaba trabajo interdisciplinario de física y biología. De particular importancia en dichos estudios fue el poder obtener fotografías buenas de los patrones de difracción, algo que Wilkins logró utilizando el equipo de rayos X del laboratorio de Raymond Gosling y manteniendo las películas de ADN húmedas. Para 1951 Wilkins había reconocido la estructura de hélice que exhibe el ADN. También había estimado el ángulo de inclinación de la espiral, el diámetro de la molécula y demostró que los patrones de difracción de ADN de diferentes especies era fundamentalmente los mismos. Sin embargo, esto no fue suficiente para la caracterización de la estructura tridimensional. En 1951 Randall invitó a Rosalind Franklin a unirse al grupo de trabajo.

³⁴ La reflexión de los rayos X en los planos de átomos de un cristal genera frentes de luz que se superponen y forman patrones de interferencia. Esto permite calcular la distancia entre los planos atómicos utilizando la ley de Bragg $n\lambda = d \sin\theta$, donde n es un entero, λ es la longitud de onda de la radiación, d es la distancia entre los planos y θ es el ángulo de incidencia de la luz.

Randall decidió que Franklin trabajaría en colaboración con él mientras que Wilkins realizaría la parte que le correspondía de manera separada.

De los análisis de Randall y Franklin se concluyó que existían dos formas distintas de ADN a las que llamaron forma A y forma B. La forma A resultaba ser la más común, formada bajo condiciones de humedad baja. Por otro lado, la forma B parecía ser menos cristalina y se constituía bajo condiciones de humedad alta. Los patrones de difracción que mostraba resultaban más difusos que los de la forma A. De los valores medidos de densidad de las muestras y de la cantidad de agua que contenían se determinó que la molécula contenía de dos o tres cadenas. Aunque al principio Franklin se inclinó en favorecer la postura aceptada de que son tres cadenas, más tarde, algunas características de los patrones de difracción le hicieron favorecer la hipótesis de una doble hélice. En 1952 Franklin se propuso descifrar la estructura de la forma A del ADN, la cual, aunque producía un patrón más claro en la placa fotográfica, era más complejo y difícil de analizar. Franklin consideró muchas diferentes posibilidades en su análisis. Aunque la determinación de las características de la estructura del ADN fue producto de su esfuerzo, ella no llegó a la solución de la estructura.

Durante el periodo en que se dieron estas investigaciones, Wilkins mantuvo contacto con James Watson. En 1951 Watson decidió ir a Cambridge a trabajar. Allí se unió a Francis Crick. Ambos tenían mucho en común, incluso ambos se interesaban en descubrir la estructura del material genético. Sin embargo, resultó que en el aspecto en que eran complementarios fue que se dio la síntesis que los llevó a su descubrimiento de la estructura tridimensional del ADN: uno era cristalógrafo y el otro especialista en genética viral. Watson pensaba que los datos de la estructura del ADN que habían trabajado Wilkins y Franklin serían útiles para su determinación correcta.

En el primer intento Watson y Crick llegaron a un modelo de tres cadenas en el cual los fosfatos daban hacia el interior de la hélice. Este modelo fue un fracaso. Esto los alejó un tiempo de este trabajo pero más tarde revivieron su interés por el problema y decidieron seguir intentando. Esto fue causado por dos eventos. El primero fue la propuesta de un modelo de triple cadena por Linus Pauling y Robert Corey (Pauling, Corey, 1950). El segundo fue una pieza de evidencia obtenida por Franklin en el sentido de que los fosfatos debían dar hacia el exterior de la molécula. Al intentar de nuevo, estableciendo que la

molécula debía ser de doble cadena con los fosfatos hacia el exterior, Watson se encontró con el problema de acomodar dos cadenas de secuencia irregular de bases en el interior de la molécula, algo que resultaba incomprensible debido a la diferencia estructural de las purinas y las pirimidinas. Esto los llevó a considerar el apareamiento de bases mediante enlaces de hidrógeno donde las cadenas corren de manera paralela o antiparalela. Se dieron cuenta de que se podían acomodar las bases de manera regular si se apareaba siempre una purina con una pirimidina, la adenina siempre apareada con la timina y la citosina siempre apareada con la guanina. Esto implicaba que las cadenas son complementarias. Esto parecía ser consistente con las reglas descubiertas por Chargaff y con el hecho de que era fácil de visualizar cómo una de las cadenas podía servir de molde para la síntesis de otra cadena con la estructura complementaria. Aunque algunos miembros de la comunidad científica no aceptaron los resultados del modelo de Watson y Crick, en general se puede decir que fue aceptado de manera bastante rápida tomando en cuenta lo revolucionario de la idea.

Un experimento que resultó ser una evidencia en favor del modelo de Watson y Crick y que a la misma vez representó un episodio de progreso en torno a la elucidación del proceso de duplicación del ADN fue el que realizaron Matthew Meselson y F. W. Stahl (Meselson, Stahl, 1958) reportado en 1958. En este experimento demostraron que la duplicación de la molécula de ADN es semiconservativa, esto es, que de la molécula original surgen dos moléculas idénticas, cada una recibiendo intacta una de las dos hebras que constituían la molécula original.

Para 1960 ya los científicos estaban convencidos de la estructura de doble hélice de la molécula de ADN. Además del ADN, las proteínas son importantes como elementos estructurales de la célula y como catalizadores de los procesos que se dan dentro de la célula. Los catalizadores regulan y dirigen el metabolismo de la célula provocando la síntesis de ácidos nucleicos, de otras proteínas y otras sustancias que se necesitan. También funcionan descomponiendo algunas sustancias cuando es necesario produciendo y utilizando la energía necesaria para las reacciones. Lo que no estaba claro es la manera en que la información para la formación de las proteínas codificada en el ADN se expresa. El problema de descifrar cómo está contenida la información codificada a base de secuencias de sólo cuatro nucleótidos se conoce como el problema de la codificación. La respuesta a

este problema requería conocer el mecanismo que la célula usa para sintetizar las proteínas a partir de la información genética.

El concepto de un patrón intermedio o molde que sirviera para dirigir la síntesis de proteínas llevó a J. B. S. Haldane (Haldane, 1937) en 1937 a postular que los genes podrían ser el molde ya que las proteínas y los genes son de la misma magnitud aproximadamente. Luego se desarrolló la idea de que los ácidos nucleicos interactúan con las proteínas para hacerlas insolubles. Se pensaba que el complejo insoluble de proteínas es el molde en el cual se lleva a cabo la síntesis de proteínas subsiguiente. La pregunta era determinar cuál de los dos, si ADN o ARN, está involucrado en este mecanismo. El hecho de que algunos científicos sostenían la postura de que el ADN es el molde donde las proteínas se forman y que otros apoyaban la postura de que ese rol le corresponde al ARN muestra que los roles del ADN y del ARN no estaban bien definidos. El razonamiento que estaba detrás de esta confusión era que si el molde es el ADN entonces esto resultaba difícil de conciliar con la evidencia de que la síntesis de proteínas ocurre en el citoplasma y, por otro lado, si el molde es el ARN entonces lo que resulta difícil de conciliar es cómo los genes que se encuentran en el ADN participan en la síntesis de proteínas. Las investigaciones sugerían que es el ARN el que está involucrado en la síntesis de proteínas. Un hecho que respaldaba esta postura era que se sabía que la síntesis de proteínas ocurría fuera del núcleo, lugar donde se concentra el ARN. En 1952 un artículo publicado por Alexander Dounce (Dounce, 1952) presentaba algunas ideas relacionadas con este problema. Primero, planteó que el ARN puede servir como molde para dirigir la síntesis de proteínas. Segundo, que la información que codifica para el arreglo de los aminoácidos es único para cada proteína y está dado por la secuencia de los nucleótidos del ARN. Tercero, que cada grupo de tres nucleótidos del ARN es específico para un amino ácido. En 1953 añadió que si los genes se encuentran en el ADN, podría ser posible que la molécula de ADN actuara como molde para la síntesis de ARN y luego este ARN serviría como molde para la síntesis de proteínas.

Durante la sexta década del siglo XX se enfocó mucho esfuerzo en la confirmación experimental del rol del ARN como molde para la síntesis de proteínas. En 1957 Francis Crick dictó una conferencia acerca de síntesis de proteínas donde expuso algunos conocimientos que formaban parte del núcleo del paradigma de la biología molecular. Entre estos se encontraba el “dogma central” de la biología molecular: la información puede

pasar de ácido nucleico a ácido nucleico, o de ácido nucleico a proteína, pero no de proteína a proteína o de proteína a ácido nucleico. También enfatizó la importancia de los ribosomas en la síntesis de proteínas.

George Palade (Palade, 1975) fue el científico al que se le atribuye la caracterización de los microsomas, estructuras que habían sido aisladas por James Murphy y Albert Claude a principios de siglo XX y que tienen dos componentes. Utilizando técnicas de observación por microscopio, análisis bioquímicos y ultracentrifugación fue capaz de distinguir en los microsomas unas estructuras que llamó 'ribosomas' y que están asociadas a proteínas. En sus análisis también observó que los mismos están constituidos de ARN. Los ribosomas parecían encontrarse en todas las células en cantidades que aumentan de acuerdo con la cantidad de proteínas que sintetiza la célula. Finalmente, en 1950, Henry Borsook y sus colegas (Borsook, Deasy, Haagen-Smit, Keighley, Lowy, 1950) descubrieron que la síntesis de proteínas se da en los microsomas. En 1955 J. W. Littlefield (Littlefield, Keller, Gross, Zamecnik, 1955) y sus colegas demostraron que la incorporación de los aminoácidos que componen una proteína se da en los ribosomas.

La relación entre el ADN y el ARN fue la última relación entendida entre las tres macromoléculas fundamentales (proteínas, ADN y ARN). Durante la quinta década del siglo XX Tobjörn Caspersson y Jack Schultz (Caspersson, Schultz, 1939), y Jean Brachet (Brachet, 1942) realizaron experimentos de manera separada llegando a conclusiones similares. En específico, que la cantidad de ADN medida en los análisis químicos aumenta en proporción a la cantidad de divisiones celulares que experimentan las células del sistema y que la cantidad de ARN medida en los análisis aumenta con la actividad metabólica de la célula. Sin embargo, un experimento crucial lo realizó Brachet (Brachet, 1955) en el cual observó como algunas células desprovistas de núcleo podían seguir sintetizando proteínas durante algunos días.

En 1960 François Jacob y Jaques Monod (Jacob, Monod, 1961) descubrieron el ARN mensajero. El preámbulo al descubrimiento se dio con un experimento realizado por Monica Riley y Arthur Pardee (Riley, Pardee, 1960) en el cual introdujeron fósforo radioactivo a una bacteria. El decaimiento radioactivo inactivaba los genes y observaron que tan pronto el gen que codifica para la síntesis de β -galactosidasa era desactivado la síntesis de proteínas se detenía. Aún con este resultado, Jacob y Monod no pensaron que la

síntesis se llevaba a cabo en el gen. En su lugar propusieron la hipótesis de que existe un intermediario entre los genes y las partículas del microsoma y que probablemente este es un ARN. Lo llamaron 'X' y más tarde le cambiaron el nombre a ARN mensajero. Los experimentos de Jacob y Monod tuvieron resultados similares a otros experimentos realizados por François Gros (Gros, 1986), y, Elliot Volkin y Lazarus Astrachan (Volkin, Astrachan, 1956). Así se llegó a la idea de que el ARN contenido en los microsomas no es ARN mensajero. Los ribosomas son sólo los lugares donde se asocia el ARN mensajero y se lee la información traída por éste desde el núcleo. Jacob discutió sus resultados con Francis Crick y Sydney Brenner y en el mismo año llevaron a cabo experimentos para hallar evidencia a favor de la existencia de este ARN mensajero. Los resultados confirmaron su hipótesis demostrando que los ribosomas juegan un papel pasivo en la síntesis de proteínas, son el soporte material a los cuales se asocian las moléculas de ARN mensajero para la síntesis de proteínas. En sus experimentos Jacob y Monod también confirmaron que varios genes estructurales pueden ser controlados por un solo gen. Estos genes se encuentran agrupados en una estructura que llamaron 'operón' y son transcritos al ARN mensajero al ser reconocidos por una sección particular del ADN conocida como región promotora. Este se conoce como el modelo del operón.

Otro avance importante que se dio en 1959 fue la introducción de la idea de que el ARN es una copia del ADN que se encuentra en el núcleo. Aunque confundió el ARN mensajero con el ARN ribosomal el artículo que publicó Mahlon Hoagland (Hoagland, 1959) comentaba acerca de la idea de que existe una complementareidad entre la secuencia de bases del ADN y la del ARN. Pero el primer experimento en el cual se demostraba que el ARN y el ADN son complementarios lo llevaron a cabo Masayasu Nomura, Benjamin D. Hall y Sol Spiegelman (Nomura, Hall, Spiegelman, 1960) a finales de 1960.

Una vez conocida la manera en que la información pasa del ADN al ARN mensajero y luego es llevada a los ribosomas para ser leída, el siguiente paso fue investigar el proceso mediante el cual dicha información es utilizada para sintetizar proteínas. La idea de que existe una molécula que funciona como adaptador y que se asocia al molde fue introducida por Francis Crick:

What sort of molecules such adaptors might be is anybody's guess. ... But there is one possibility which seems inherently more likely than any other- that they might

contain nucleotides. This would enable them to join on to the RNA template by the same “pairing” of bases as is found in DNA, or in polynucleotides (Crick, 1958).

Crick propuso que el adaptador debe consistir de tres nucleótidos y pensó que la idea de un ARN adaptador y un ARN molde implica que al menos dos tipos distintos de ARN se necesitan para la síntesis de proteínas. Fue Robert Holley el que utilizando una técnica para separar el ARN adaptador en sus componentes descubrió que existe un tipo de ARN específico para cada amino ácido. Más tarde se descubrió que el código genético es degenerado, ésto es, que puede haber más de un adaptador para cada amino ácido. Ya para 1965 la estructura de nucleótidos para el ARN adaptador que corresponde al amino ácido alanina fue determinada. A la molécula adaptadora se le llamó ARN de transferencia o RNAt. Este ARN de transferencia tiene forma de trébol o cruz y luego se averiguó que dicha forma es fundamental para su funcionamiento. Poco a poco se fue descubriendo la estructura de los otros 19 amino ácidos y a la misma vez se reforzó la evidencia en favor de que la cantidad mínima de bases en una secuencia necesaria para especificar a un amino ácido en particular es de tres. Para 1965 se habían reconocido y asignado cuarenta y cinco de los sesenta y cuatro posibles tripletes formados con los cuatro nucleótidos. Otras interrogantes que se abordaron luego con éxito fueron averiguar si el código genético es universal y averiguar de qué manera están incluidas en el código las instrucciones para comenzar o terminar con la síntesis de una proteína en específico.

En el caso de la bioquímica, al igual que en el de la genética clásica se da lo que Diez y Moulines llaman cambio interteórico. Sin embargo, en este caso, a diferencia del anterior, dicho cambio teórico se da por incorporación. En el cambio interteórico por incorporación la teoría anterior no es suplantada sino que es considerada verdadera y es incorporada de manera total de manera que pasa a considerarse como un caso especial de la nueva.

Capítulo IV: Reconstrucciones modelo-teóricas de las teorías genéticas

Propósito

En este capítulo me propongo a defender la razón por la cual recorro a una interpretación semántica de las teorías y no a una interpretación sintáctica para llevar a cabo mi análisis. En dicha concepción semántica las teorías son consideradas como modelos de la realidad. El resto del capítulo lo dedico a reconstruir en términos conjuntistas las cuatro teorías de la genética que me propongo a considerar para análisis: la teoría de la hibridación de Mendel (THM), la teoría mendeliana de la herencia (TMH), la teoría cromosómica de la herencia (TCH) y la teoría bioquímica de la herencia (TBH).

Las concepciones sintáctica y semántica de las teorías

Las teorías pueden verse como conjuntos de enunciados (entre los que se encuentran los axiomas) en donde existe una relación de deducción entre ellos. El modelo que toma las teorías como conjuntos de enunciados para explicar o dar cuenta del ámbito de la realidad que cae bajo su alcance se atribuye generalmente a Hempel y se conoce como el modelo nomológico-deductivo (N-D). En este modelo una explicación es un argumento lógico en el cual la verdad de los enunciados que se toman como premisas obligan a la ocurrencia del fenómeno, del resultado experimental o de la regularidad en la naturaleza que se intenta explicar. En cuanto a las teorías Hempel afirma lo siguiente:

... the formulation of a theory will require the specification of two kinds of principles; let us call them internal principles and bridge principles for short. The former will characterize the basic entities and processes invoked by the theory and the laws to which they are assumed to conform. The latter will indicate how the processes envisaged by the theory are related to empirical phenomena with which we are already acquainted, and which the theory may then explain, predict, or retrodict (Hempel, 1966, 72).

Sin los principios puente una teoría carece de poder explicativo y además sería incontrastable ya que los principios internos sólo se refieren a entidades y procesos que la

teoría asume y por lo tanto están expresados mayormente en términos de conceptos teóricos. Las implicaciones lógicas que permiten la contrastación de esos principios teóricos deben, por lo tanto, expresarse en términos de las cosas y de las ocurrencias que son conocidas de antemano, “as we might say, terms that have been introduced prior to the theory and can be used independently of it” (Hempel, 1966, 75).

De acuerdo con la postura enunciativista, una teoría es un conjunto de afirmaciones donde se tienen algunas básicas de las cuales se pueden inferir todas las restantes mediante un proceso de deducción. A las afirmaciones básicas se les llama axiomas y a las afirmaciones derivadas de estos se les llama teoremas. Los teoremas no contienen información nueva que no se encuentre implícita en los axiomas. Aunque no es requisito para una axiomatización, es deseable que la teoría sea lo más concentrada posible, o sea, es un principio metodológico general que los axiomas han de constituir un conjunto pequeño de afirmaciones y además deben ser independientes entre sí. Se debe señalar que siempre existe más de un conjunto de axiomas con los que se puede especificar una teoría, en principio, siempre hay axiomatizaciones alternativas.

Además de los axiomas y teoremas una teoría debe incluir una serie de definiciones. Estas no son del mismo tipo que los axiomas o teoremas. Las definiciones expresan abreviaturas notacionales y por lo tanto deben ser eliminables y no creativas. La eliminabilidad exige que se pueda disponer del término definido utilizando en su lugar la definición del término. Las definiciones también deben ser de tal naturaleza que no añadan nada al contenido de la teoría.

Las teorías empíricas están constituidas, pues, por un cálculo axiomático abstracto y otra parte que se encarga de conectar las expresiones de este cálculo axiomático con situaciones de la experiencia. Si se vinculan estas situaciones de la experiencia con situaciones de observación directa podemos decir que los enunciados conectores relacionan los términos del sistema axiomático con términos observacionales que refieren a objetos, propiedades o relaciones observables. “A estos ‘enunciados conectores’ se les denominado de varios modos” (Diez, Moulines, 1999, 290). Aunque conceptualmente existen diferencias sutiles entre los términos que se les ha dado a dichas reglas de correspondencia su función es básicamente la misma: “proporcionar interpretación empírica al cálculo

axiomático que por sí mismo está vacío de contenido empírico” (Diez, Moulines, 1999, 290).

Así las teorías empíricas dan cuenta de los fenómenos postulando entidades o procesos que obedecen leyes y que se encuentran más allá del plano observable. Al hacerlo debe introducir nuevos conceptos para referirse a esas entidades no observables. Estos conceptos pueden representarse con símbolos lingüísticos llamados ‘términos teóricos’ por estar introducidos por la teoría los conceptos asociados a ellos. Los términos que utiliza una teoría vista como conjunto de enunciados son de tres tipos:

- (1) términos lógico-matemáticos- es el vocabulario de apoyo de la teoría y proporciona el lenguaje o instrumental formal en la misma.
- (2) términos observacionales- es el vocabulario que se refiere a las entidades, las propiedades y las relaciones directamente observables de las cuales la teoría debe dar cuenta.
- (3) términos teóricos- es el vocabulario que se refiere a las entidades, las propiedades y las relaciones que no son directamente observables que utiliza la teoría para dar cuenta de las que sí son observables y de las cuales debe dar cuenta.

Sin embargo, la identificación de una teoría con una serie de enunciados trae consigo una serie de consecuencias que resulta problemática. Uno de los problemas que trae esta postura es que la identificación de una teoría con sus axiomas lleva a concluir que dos axiomatizaciones distintas de una teoría dada darían como resultado dos teorías diferentes, siendo esto contradictorio pues se trata de la misma teoría. En la historia de la ciencia se ha dado que a una misma teoría se le ha propuesto más de una axiomatización, como es el caso, por ejemplo, de las axiomatizaciones de Newton, de Hamilton y de Lagrange de la teoría de la mecánica. En este sentido “lo que importa de una teoría, lo que la identifica, es lo que dice sobre el comportamiento de determinada parcela de la realidad, no cómo lo dice” (Diez, Moulines, 1999, 329). En este sentido lo que la teoría determina es una clase de modelos acerca de la realidad³⁵.

³⁵ “Lo importante es pues qué modelos determina una teoría, no los recursos lingüísticos que emplea para ello” (Diez, Moulines, 330).

La interpretación semántica de las teorías expresa estas intuiciones planteando que “presentar una teoría es presentar una clase de modelos, no de axiomas” (Diez, Moulines, 1999, 330). El decir, en el caso del enunciativismo, presentar un equivalente sintáctico a la concepción de teorías como modelos argumentando que las consecuencias de los axiomas son lo que identifica a una teoría no representa solución al problema. Esto es así ya que esta estrategia nos mantiene en el plano sintáctico sólo aparentemente. “Apelar a las consecuencias es apelar implícitamente a los modelos, la noción de consecuencia introduce subrepticamente la de modelo: un enunciado es consecuencia de otros si todos los modelos de éstos son modelos de aquel” (Diez, Moulines, 1999, 330). La interpretación semántica argumenta que las teorías están constituidas de modelos y no es fundamental el lenguaje en que se expresan dichos modelos siempre que la representación sea adecuada³⁶.

La concepción semántica no prescinde de los enunciados o en general de las formulaciones lingüísticas. “Las formulaciones lingüísticas son esenciales en el sentido (trivial) de ser el medio necesario para la determinación de los modelos, pero en un sentido verdaderamente importante no lo son, pues nada en la identidad de una teoría depende de que la fórmula lingüística sea una u otra” (Diez, Moulines, 1999, 330). Lo que pretende es establecer que los conceptos relativos a modelos son más provechosos para el análisis filosófico de las teorías científicas, de su naturaleza y funcionamiento, que los relativos a enunciados.

Otro de los problemas que presenta la concepción enunciativista de las teorías tiene que ver con la rigidez en sentido lógico de la noción de cálculo axiomático. Se presentan todos los axiomas de una teoría al mismo nivel, no se establece distinción entre los más esenciales o fundamentales y otros complementarios. Esta visión rígida de teoría sincrónica no permite una elucidación adecuada de las teorías en sentido diacrónico ya que un cambio en el cuerpo axiomático de una teoría, por mínimo que sea, representa un cambio de teoría. “El análisis de teorías ha de ser tal que éstas resulten susceptibles de evolución, que puedan sufrir modificaciones extendiéndose en el tiempo sin perder su identidad” (Diez, Moulines, 1999, 310). La interpretación sintáctica de las teorías científicas presenta a las teorías como

³⁶ “De acuerdo con la concepción semántica, presentar una teoría es presentar una familia de modelos. Esta familia puede ser descrita de varios modos, mediante enunciados diferentes en lenguajes diferentes, y ninguna formulación lingüística tiene ningún estatuto privilegiado” (Diez, Moulines, 330).

productos terminados de la actividad científica. Las teorías vistas así reflejan en bien poca medida la propia actividad científica que las genera ya que no se pronuncian acerca de su desarrollo. Es como si para dar cuenta de la actividad que realiza un artesano simplemente se mostrara el producto terminado que haya trabajado.

Por último, la interpretación semántica presenta un panorama más claro y detallado de una teoría ya que además de presentar las leyes que determinan los hechos, como lo hace la interpretación sintáctica presenta las relaciones que se dan entre los diferentes componentes de la teoría. En general, para hacer un análisis filosófico de la actividad mediante la cual se generan las teorías científicas la interpretación semántica resulta ser un recurso más apropiado que la interpretación sintáctica por superarlo en detalle, claridad y complejidad. El análisis que me dispongo a realizar justificará este último planteamiento.

Comentarios en torno a los conceptos de 'elemento teórico' y 'red teórica'

De acuerdo con el estructuralismo las teorías se organizan en diferentes niveles de especialidad dentro de una 'red teórica'. Si se consideran los diferentes niveles de especialidad que constituyen una teoría en un momento dado se tiene la "imagen congelada" de la teoría en un momento de su evolución. Cada uno de los niveles de especificidad de la teoría representa un 'elemento teórico'. Tanto las teorías como los elementos teóricos están constituidas de una parte formal y una parte aplicativa, de manera que la parte global formal de la teoría está expresada por el conjunto de las partes formales de los elementos teóricos constituyentes, y su parte aplicativa global de manera similar por el conjunto de las partes aplicativas de los elementos teóricos constituyentes. A la parte formal se le llama 'núcleo' de la teoría y a la parte aplicativa se le llama 'dominio de aplicaciones pretendidas o intencionales'. La parte formal de una teoría o de un elemento teórico contiene los recursos conceptuales y las leyes que fundamentan a la teoría. La parte aplicativa especifica en términos que no son propios de la teoría los sistemas de los que la teoría o elemento teórico da cuenta.

El concepto de red teórica sirve para representar la estructura de una teoría en un momento dado en toda su complejidad. Sin embargo, para dar cuenta de la evolución en el tiempo de las teorías el modelo sincrónico de las teorías no es adecuado. Para dar cuenta de la evolución en el tiempo del conocimiento científico hay que considerar algún modelo de

desarrollo diacrónico mediante el cual se pueda dar cuenta de dos hechos fundamentales: los casos en los que se mantiene la genidentidad o identidad diacrónica de las teorías y los casos en los que de acuerdo con Kuhn se da una revolución científica. El primero de estos se da cuando se considera que existe una entidad estructural que persiste a través del tiempo, un marco teórico que permanece invariable a pesar de los cambios. Este primer elemento está representado en los conceptos de 'paradigma' de Kuhn, 'programa de investigación' de Lakatos y 'tradición de investigación' de Laudan. Una teoría en sentido diacrónico puede considerarse como una sucesión de teorías en sentido sincrónico que comparten un elemento en común. Su imagen puede considerarse como una película cuyos marcos particulares son las diferentes etapas por las que ha pasado. Es más difícil de reconocer cuando se da el segundo aspecto, el que compete al cambio radical, ya que su estudio presupone una teoría de los cambios semánticos de los conceptos científicos y además debe incluir análisis de las complejas interrelaciones que surgen en la perspectiva diacrónica.

Las reconstrucciones que presento en este trabajo son reconstrucciones particulares que atienden al propósito particular de servir de herramienta para el análisis epistemológico de la genética durante aproximadamente cien años. Por tal razón las teorías no están reconstruidas a la manera del estructuralismo. En lugar de presentar la estructura de modelos potenciales, modelos potenciales parciales, modelos efectivos, ligaduras y especializaciones presento cada teoría reconstruida como un todo en un diagrama conjuntista. Algunas de las teorías que presento han sido reconstruidas por Mario Casanueva (Casanueva, 2002) y Pablo Lorenzano (P. Lorenzano, 2002). César Lorenzano (C. Lorenzano, 2002) ha presentado una reconstrucción de la bioquímica. Todas estas reconstrucciones estructuralistas, sin embargo, aparecen expresadas en lenguaje formal, las reconstrucciones que presento aparecen representadas en términos de diagramas conjuntistas³⁷. Específicamente, en estos diagramas conjuntistas se aprecia la red teórica de la genética en cuatro etapas fundamentales de su desarrollo: el planteamiento inicial de Mendel (Teoría de la hibridación), las modificaciones hechas por el mendelismo (Teoría mendeliana), la incorporación de los conocimientos acerca de la citología a la genética

³⁷ La reconstrucción que presento de la teoría bioquímica de la herencia representa sólo un aspecto de la bioquímica: el que corresponde al problema de la herencia.

(Teoría cromosómica), y finalmente, la caracterización a nivel macromolecular de los fenómenos considerados por la genética clásica (Teoría bioquímica de la herencia).

El análisis puede verse como uno de tipo diacrónico. Dependiendo de donde se trace la línea divisoria entre lo que representa una teoría y la otra, así, estaríamos hablando de genidentidad teórica o de revolución científica. En nuestro caso considero que la teoría de la hibridación de Mendel y la teoría mendeliana son fundamentalmente la misma teoría. Con respecto a la teoría cromosómica afirmo que, a pesar de que podemos decir que se encuentra en el mismo programa de investigación o tradición de investigación, no es fácil justificar que se trata de la misma teoría. La teoría cromosómica, a pesar de tener cosas en común con la mendeliana, contiene elementos adicionales que pueden ser objeto de discusión, como por ejemplo, las leyes y las entidades con las que trabaja la teoría. Esto representó progreso en muchos sentidos. Por ejemplo, el postular que los genes se encuentran en los cromosomas permitió la construcción de mapas cromosómicos de los genes.

Nota acerca de las reconstrucciones

Cada una de las reconstrucciones que se presentan a continuación contiene un diagrama conjuntista asociado. En dicho diagrama se encuentran ilustrados los elementos que constituyen el modelo y las relaciones que se dan entre ellos. Con respecto a estas últimas utilizo la línea entrecortada para especificar estructuraciones, la línea continua para especificar funciones de relación y la línea gruesa para especificar leyes. Las estructuraciones son útiles para definir algunos elementos del modelo a partir de los elementos primitivos. Las funciones de relación son útiles para asociar diferentes elementos del modelo de acuerdo con la relación que se postula en la teoría. Las leyes son fundamentales para la determinación de los hechos.

La función λ y las reconstrucciones de las teorías de la genética

A continuación presentaré mis reconstrucciones modelo teóricas en términos conjuntistas de la teoría de la hibridación de Mendel (THM), la teoría mendeliana de la herencia (TMH), la teoría cromosómica de la herencia (TCH) y la teoría bioquímica de la herencia (TBH). Antes de pasar a dichas reconstrucciones deseo introducir aquí la función

λ . La función λ es un localizador temporal que actúa sobre algún elemento del modelo que plantea alguna de las teorías consideradas y le asigna un número natural. Este número corresponde al valor de su generación en una población de individuos. El valor inicial se establece por conveniencia y así quedan fijados los valores de las generaciones subsecuentes. El conjunto T representa la noción de tiempo de manera que sus elementos son los diferentes valores asignados a las diferentes generaciones. El conjunto T es isomorfo con un segmento inicial del conjunto de números naturales. La función λ puede actuar, por ejemplo, sobre un individuo miembro de la población, pero también puede actuar sobre alguna parte del individuo, digamos, sobre sus células gaméticas. En el primer caso se estaría especificando el individuo de la generación n, y en el segundo caso las células gaméticas del individuo de la generación n. El ámbito de aplicación de la teoría, la población de individuos, puede contener un mínimo de 3 miembros (una pareja de padres y un hijo). No existe máximo, la población puede referirse a la especie y tener una extensión considerable, aunque en la realidad se considera que la especie no existirá para siempre.

Teoría de la hibridación de Mendel (THM)

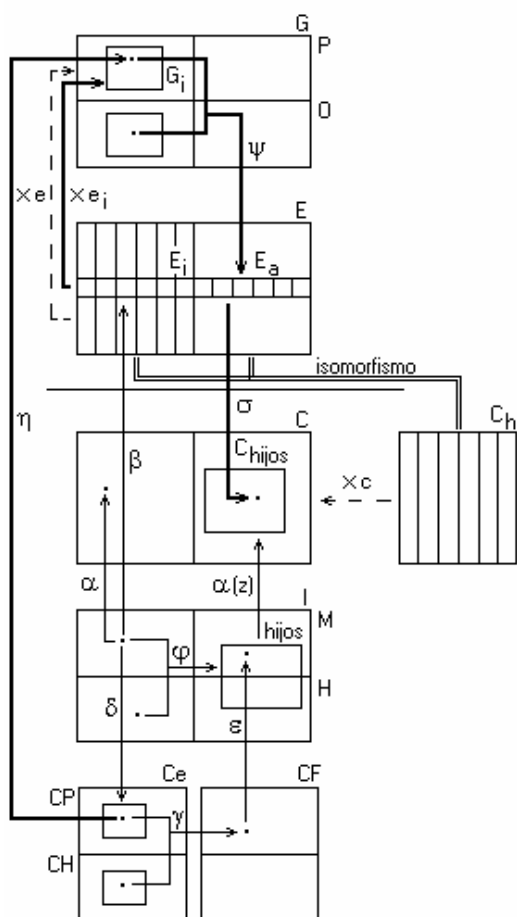


Figura 1- Diagrama conjuntista de THM

La teoría de la hibridación de Mendel (THM) trata acerca de cruces entre individuos inicialmente pertenecientes a dos cepas puras. Cada cepa pura está constituida de individuos cuyas características o rasgos son los mismos. Cualquier cruce entre los individuos de una cepa pura da lugar a generaciones subsecuentes de otros individuos con los mismos rasgos. El cruce inicial entre estas dos cepas da lugar a una población constituida tanto de individuos puros de ambos tipos como de individuos que contienen los constituyentes esenciales de ambas cepas puras (híbridos). También los cruces entre los individuos que son producto de este cruce inicial dan lugar a poblaciones constituidas de individuos puros e individuos híbridos. Pero las proporciones en que van apareciendo los tipos de individuos en las generaciones subsecuentes a partir del primer

cruce van variando y el interés de Mendel al hacer sus experimentos es describir este fenómeno. Mendel también presenta una explicación a las proporciones observadas aludiendo a la manera en que ciertos elementos contenidos en las células gaméticas se distribuyen y luego se recombinan. Este trabajo de investigación sólo reconstruye los aspectos relacionados con *Pisum* y *Phaseolus* que Mendel plantea en su trabajo³⁸.

La reconstrucción conjuntista que presento establece que un modelo de THM está descrito por una tupla de diecisiete elementos primitivos: T (el tiempo, determina la

³⁸ En la reconstrucción de THM presentada no se consideran los casos en que la fusión de dos células gaméticas puedan generar células de embrión en las cuales "in welchen die Differenzen gänzlich und bleibend vermittelt sind, so würde sich als weitere Folgerung ergeben, dass die Hybride, wie jede andere selbständige Pflanzenart, in ihren Nachkommen constant bleiben werde." (Mendel, 1865, 41) ... las diferencias son *entera y permanentemente* conciliadas, en este caso se seguiría ulteriormente que el híbrido permanecería tan constante en su prole como cualquier otra variedad estable de planta.

generación), M (conjunto de los machos de la población), H (conjunto de las hembras de la población), CP (conjunto de las células polen de la población), CH (conjunto de células huevo de la población), CF (conjunto de las células que son producto de la fertilización), C_h (conjunto de las características que presentan los individuos de la especie), E (conjunto de los elementos que son causantes de las características que presentan los individuos), λ (función de tiempo que asigna a un cierto elemento del modelo una generación particular), φ (función de descendencia), α (función de descripción fenotípica), δ (función de portación de células gaméticas), γ (función de fecundación), η (función de portación por parte de las células gaméticas de los elementos causantes de las características), ϵ (función de desarrollo ontogénico), β (función de portación por parte de un individuo de los elementos causantes de las características) y σ (función que representa la ley causal que relaciona los elementos causantes de las características con las características). T, M, H, CP, CH, CG, C y E son conjuntos finitos no vacíos.

El conjunto de individuos I está constituido por la unión entre el conjunto de machos M y el conjunto de hembras H de la población. En el trabajo de Mendel esto está determinado por el tipo de célula gamética ya que la planta de *Pisum* contiene ambos sexos. La teoría también es válida para casos en que los sexos están diferenciados por individuos. En el diagrama conjuntista de THM, el conjunto de los individuos I está seccionado horizontalmente para representar dos generaciones continuas. También está seccionado verticalmente para separar a los individuos machos de las hembras.

La función φ representa la noción de descendencia de tal manera que a una pareja de individuos de la generación t_i le asigna un conjunto de hijos de la generación t_{i+1} producto de los diferentes cruces entre ellos. El conjunto de hijos es un subconjunto del conjunto de individuos de la generación t_{i+1} . El esquema de esta teoría considera hermanos miembros del mismo conjunto de hijos a los que provienen de la misma pareja de padres, cualquier cruce de alguno de los padres con otro individuo generaría otro conjunto de hijos diferente.

El conjunto de las descripciones de los individuos C está constituido por elementos que tienen estructura de una tupla donde cada elemento de la tupla representa una característica que exhibe el individuo y que corresponde a su especie. La función α representa la noción de descripción fenotípica, de manera que a cada individuo le asigna un

elemento del conjunto C . Tomando al individuo como un mosaico de características que se pueden heredar de manera independiente, la totalidad de elementos de cada tupla depende de cuántas características se presentan en la población. Se puede representar la totalidad de las características de la población con el conjunto C_h . Sobre el conjunto se puede introducir una partición de manera que cada clase de equivalencia representa una característica particular de la población. La totalidad de las características se puede representar con tres subíndices: c_{hij} . El primer subíndice representa la característica de la población (por ejemplo, la longitud de tallo, el color de la flor, la forma de la semilla), el segundo representa la característica particular que exhibe el individuo (por ejemplo, tallo largo vs. tallo corto, color rojo vs. color blanco, semilla de superficie lisa vs. semilla de superficie rugosa) y el tercero representa las diferentes gradaciones que exhibe una característica en particular (por ejemplo, diferentes tonos de rojo, diferentes grados de estatura). El valor que adopta este último subíndice en la mayor parte de los casos es uno, sin embargo en algunos casos, como lo es el color de la hoja de *Phaseolus*, su valor puede ser mayor que uno. Se debe considerar independiente del segundo subíndice ya que a pesar de que la segregación y recombinación de los factores responsables de las características se dan de la misma manera siempre de acuerdo con la teoría, la determinación de las características en estos casos no va a obedecer la ley de dominancia-recesividad sino una ley distinta en la que más de dos elementos interactúan para producir una característica como el color de la flor en *Phaseolus*.

Así el conjunto de las descripciones de los individuos de la población se construye con el producto cartesiano de las características individuales, representada cada característica individual de la especie por una variable a la que se le asocian tres subíndices particulares. A cada individuo se le asocia una descripción fenotípica mediante la función α . El conjunto hijos es un subconjunto del conjunto de individuos I y puede obtenerse al aplicar la función de descendencia ϕ a una pareja de padres. La función α aplicada a cada uno de los miembros del conjunto hijos genera el conjunto de las descripciones fenotípicas de los mismos C_{hijos} . C_{hijos} es un subconjunto del conjunto de descripciones fenotípicas de la población C .

En la base de contrastación se encuentran las proporciones con las que van apareciendo las diferentes combinaciones de las características individuales. Mendel sólo

consideró una pareja de características individuales para cada característica de la población. Así, dependiendo del número de características de la población consideradas van apareciendo las proporciones fenotípicas por Mendel. Cuando se considera una sola característica de la especie la razón en que se presenta la característica dominante con relación a la recesiva es 3:1. Cuando se consideran dos características la razón en que se combinan los rasgos dominantes y recesivos de ambas características es 9:3:3:1. Cuando se consideran tres características la razón en que se combinan los rasgos dominantes y los recesivos de las tres características es 27:9:9:9:3:3:3:1, y así sucesivamente. Estas proporciones se observan de manera aproximada de acuerdo con Mendel al hacer los experimentos.

El conjunto de células gaméticas C_e está constituido por la unión entre el conjunto de células polen CP y el conjunto de células huevo CH . El propio Mendel no utilizaba el término 'gameto' ya que en su trabajo siempre habló en términos específicos de células polen y células huevo (células reproductoras). En este trabajo se introduce el conjunto C_e para propósitos de simplificación. La función δ representa la noción de portación de células reproductoras por parte de un individuo de tal manera que le asigna a cada individuo I de la generación t_i un conjunto de células reproductoras C_e de la misma generación. Estas células reproductoras en el caso de Mendel estaban contenidas en los granos de polen y en los ovarios de las plantas respectivamente. La fase experimental del trabajo de Mendel consiste en realizar los cruces llevando el polen de las plantas a los ovarios de las plantas de manera selectiva para realizar después su análisis estadístico.

La función γ representa la noción de fecundación entre una célula polen CP de la generación t_i y una célula huevo CH de la generación t_i la cual da lugar a una célula producto de la fertilización CF de la generación t_{i+1} . γ le asigna a una pareja de célula polen CP y célula huevo CH una célula CF de la generación t_{i+1} que puede dar lugar a un hijo de la pareja. Para propósitos de brevedad en este trabajo se le llamará célula germinal a la célula que resulta producto de la fecundación.

La función ε representa la noción de desarrollo ontogénico de un individuo de manera que le asigna a cada célula germinal CF de la generación t_{i+1} un individuo I de la generación t_{i+1} . Mendel no se pronuncia acerca del desarrollo de los individuos ya que el

interés primordial de él no radica en investigar la manera en que actúan los elementos sino cómo pasan de un individuo a otro.

La función η representa la noción de portación de elementos de una célula reproductora de manera que le asigna a cada célula polen CP o célula huevo CH de la generación t_i una descripción en términos de los elementos que posee que tiene la estructura de una tupla. Cada miembro de la tupla representa un elemento que al combinarse con otro elemento, idéntico o diferente, puede producir una característica particular de la población. Al igual que con las características, la totalidad de los elementos puede especificarse introduciendo tres subíndices e_{hij} . Los subíndices están determinados de la misma manera que en el caso de las características. El primer subíndice representa algún elemento responsable de una característica general de la población (por ejemplo, para la longitud de tallo, para el color de la flor o para la forma de la semilla). El segundo representa el elemento responsable de una característica particular (por ejemplo, para tallo largo o tallo corto, para color rojo o color blanco o para semilla de superficie lisa o semilla de superficie rugosa). El tercero representa el elemento responsable de alguna gradación de alguna característica en particular (por ejemplo, para diferentes tonos de rojo o para diferentes grados de estatura). El conjunto de elementos de la población E es isomorfo con el conjunto de características de la especie C_h . El conjunto G que contiene las descripciones de las células reproductoras en términos de los elementos de la especie se construye mediante el producto cartesiano sobre las clases de equivalencia de E .

La función β representa la noción de portación de elementos de un individuo de manera que le asigna a cada individuo I de la generación t_i un conjunto E_i de elementos e_{hij} causantes de las características que exhibe. Sobre el conjunto de elementos de la especie E se puede introducir una partición donde cada clase de equivalencia se asocia a los elementos que en esa población producen cierta característica general (por ejemplo, la longitud de tallo, el color de la flor, la forma de la semilla). El conjunto de elementos del individuo E_i estaría constituido por uno o más de un elemento de cada clase de equivalencia.

La razón por la cual represento al conjunto E como una partición, en lugar de un producto cartesiano, obedece el deseo de reconstruir el aspecto notacional de Mendel de no representar lo que el mendelismo llamó alelos cuando se trata del mismo elemento. En

lugar de utilizar AA o aa para representar la contribución por parte de cada uno de los padres en el caso de los homocigotos, Mendel simplemente utiliza A o a³⁹. Así, cuando ocurre la fertilización se toma la unión conjuntista de los elementos que se fusionan.

La segregación de los elementos e_{hij} que posee el individuo I de la generación t_i y que da lugar al conjunto que contiene las descripciones de sus células reproductoras en términos de sus elementos se obtiene mediante el producto cartesiano sobre las clases de equivalencia de E_i . Esta es la que se conoce como primera ley de Mendel o ley de segregación. Establece que todas las combinaciones posibles de los elementos que porta un individuo se forman con igual probabilidad y se almacenan en las células reproductoras, células polen o células huevo, del individuo.

La función ψ representa la noción de recombinación de los elementos que es producto de la unión gamética entre una célula polen y una célula huevo. El conjunto E_{i+1} contiene los elementos que va a portar el nuevo individuo I perteneciente a la generación t_{i+1} . Sobre el conjunto E_{i+1} se puede introducir una partición donde cada clase de equivalencia contiene los elementos asociados a una característica de la población. El conjunto de elementos E_{i+1} que porta el hijo está dado por la unión sobre las diferentes clases de equivalencia de la unión de las proyecciones sobre los diferentes tipos de elemento del conjunto G_p con las del conjunto G_o . G_p y G_o representan las descripciones en términos de elementos de las células polen y células huevo que se combinan. Aquí está representada la llamada segunda ley de Mendel o ley de recombinación.

La función σ representa la ley de tipo causal que relaciona un grupo de elementos a la característica asociada a ellos. Para obtener la descripción del individuo I de la generación t_{i+1} a partir del contenido de elementos de su célula origen se debe obedecer la siguiente regla de determinación. Cuando el tipo de elemento no causa diferentes gradaciones en la característica ($j_{\max}=1$) y sólo se tiene un elemento particular, entonces se expresa ese elemento. Si el tipo de elemento no causa diferentes gradaciones en la característica ($j_{\max}=1$) y se tiene un contenido de elementos diferentes se expresa el elemento dominante. Cuando el tipo de elemento causa gradaciones en la característica entonces la característica a expresarse va a estar determinada por la cantidad y cualidad de

³⁹ Mendel en la mayor parte de su trabajo representa lo que el mendelismo llamaba homocigotos con una sólo letra, A o a. Sin embargo, al considerar el caso de *Phaseolus* los representa como aa.

la potencia causal asociada a cada uno de los elementos involucrados. Este último representa el caso de *Phaseolus*. Con respecto a esto Mendel no profundiza.

Teoría mendeliana de la herencia (TMH)

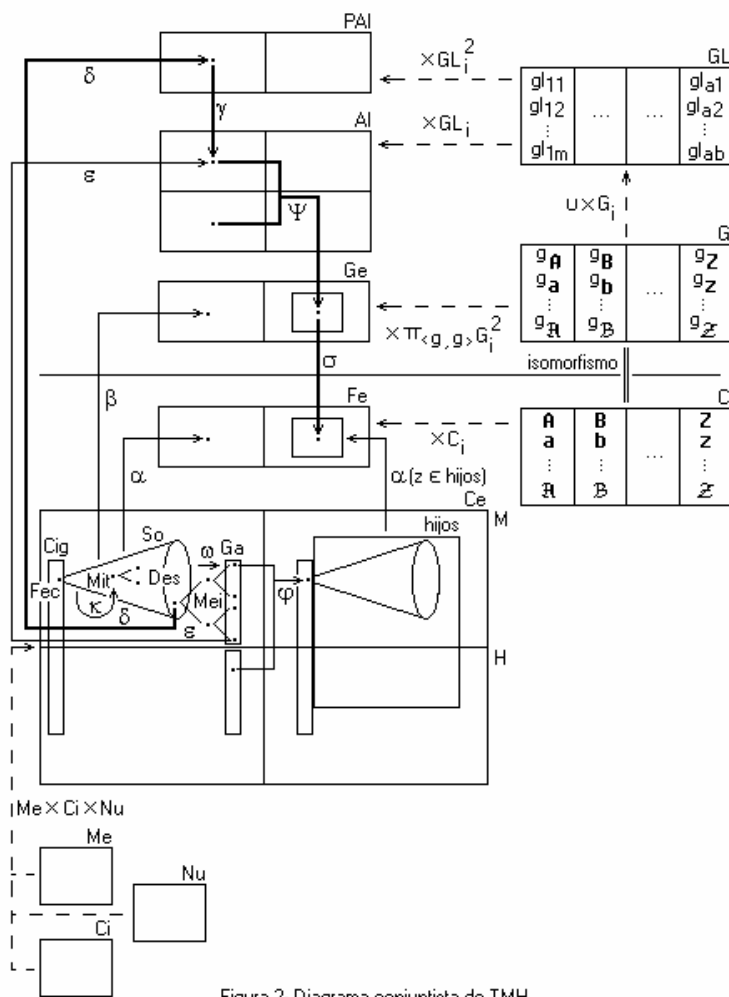


Figura 2- Diagrama conjuntista de TMH

La teoría mendeliana de la herencia (TMH) se desarrolló principalmente durante la primera década del siglo XX a partir de la publicación de sus principios por parte de Carl Correns, Hugo de Vries y E. Tschermak en 1900. A pesar de que THM y TMH tienen aspectos en común, sus diferencias son lo suficientemente importantes para este trabajo como para tratarlas como dos etapas distintas en el desarrollo del conocimiento acerca de la genética. Principalmente en lo que se refiere a la recombinación y a la

manera en que actúan los genes, su diferencia es fundamental para trazar una trayectoria de progreso. El planteamiento fundamental de TMH establece que los genes se transmiten a través de las células gaméticas a la descendencia en grupos ligados de genes de tal manera que son los grupos de genes que pertenecen a diferentes grupos ligados los que se recombinan independientemente. Cada individuo posee una carga genética compuesta de dos partes, la que proviene del padre y la que proviene de la madre, de manera que se habla de parejas de grupos de genes alelomorfos o alelos que causan grupos de características. Sin embargo, en la formación de las células gaméticas, los alelos se separan de manera que los gametos producidos sólo poseen un tipo de alelo de cada gen. Esto hace posible que con

la fusión entre el gameto del macho y el gameto de la hembra se restauren las parejas de alelos que forman el genotipo del nuevo individuo.

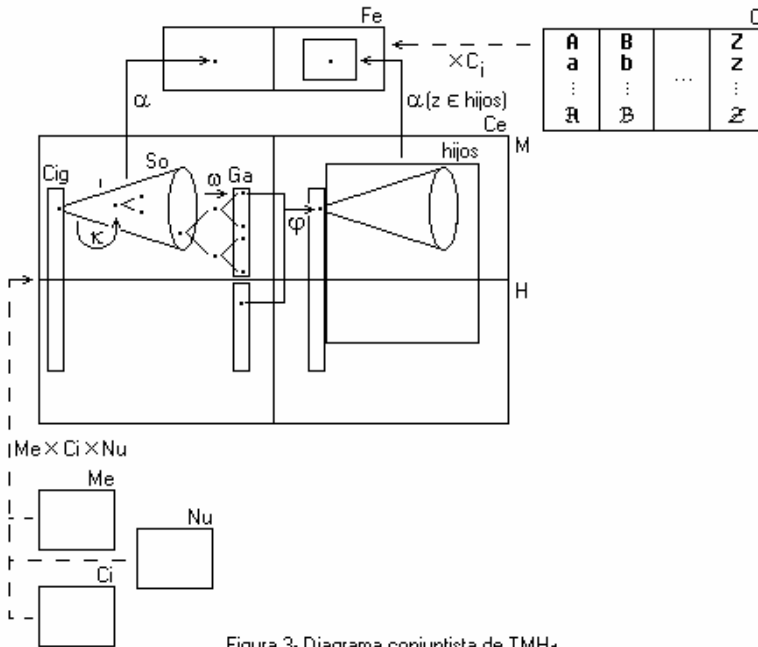


Figura 3- Diagrama conjuntista de TMH₁

Para propósitos de claridad presento la reconstrucción de TMH en tres partes. La primera parte, TMH₁, incluye la caracterización del nivel de los organismos y del nivel celular pertinente de dos generaciones seguidas. La segunda, TMH₂, entra a detallar en una generación un ciclo en el proceso de

desarrollo de un organismo. La tercera, TMH₃, incluye la caracterización de la parte teórica de TMH.

La caracterización a nivel del organismo y en el nivel celular de dos generaciones seguidas (TMH₁) se puede lograr con un modelo descrito por una tupla de quince elementos: T (el tiempo, determina la generación), M (conjunto de los machos de la población), H (conjunto de las hembras de la población), So (conjunto de células somáticas), Ga (conjunto de células gaméticas), Me (conjunto de membranas celulares), Ci (conjunto de citoplasmas), Nu (conjunto de núcleos celulares), Cig (conjunto de cigotos), C (conjunto de características), λ (función de tiempo que asigna a un cierto elemento del modelo una generación particular), κ (función de portación de células somáticas), ω (función de portación de células gaméticas), φ (función de fecundación) y α (función de descripción fenotípica). T, M, H, So, Ga, Me, Ci, Nu, Cig, y C son conjuntos finitos no vacíos.

El conjunto de individuos I está constituido por la unión entre el conjunto de machos M y el conjunto de hembras H. En este caso los individuos están representados

como conos de desarrollo que comienzan con un cigoto y se van desarrollando en el tiempo. El conjunto I contiene como miembros a estos conos.

El conjunto de células C_e está constituido por elementos que tienen estructura de una tupla de tres elementos representando una membrana, un citoplasma y un núcleo asociado a cada célula. El conjunto de las células C_e se construye mediante el producto cartesiano entre el conjunto de las membranas celulares Me , el conjunto de los citoplasmas Ci y el conjunto de los núcleos celulares Nu . El conjunto de células C_e está constituido por la unión entre el conjunto de células somáticas So y el conjunto de células gaméticas Ga .

La función κ representa la noción de portación de células somáticas de manera que le asigna a cada individuo de la generación t_i un conjunto de células somáticas. La función ω representa la noción de portación de células gaméticas de manera que le asigna a cada individuo de la generación t_i un conjunto de células gaméticas.

La función ϕ representa la noción de fecundación de manera que le asigna a una pareja de células gaméticas de sexo opuesto de la generación t_i un cigoto de la generación t_{i+1} . Este cigoto se puede desarrollar y convertirse en uno de los hijos de la pareja de la cual provinieron el espermatozoide y el óvulo.

Sobre el conjunto de las características de la especie C se puede introducir una partición donde cada clase de equivalencia se asocia a una característica general de la especie y los elementos de dicho subconjunto representan las variantes de ese tipo de característica. Una clase de equivalencia es, por ejemplo, el color de ojos. Para esa característica general se tienen los diferentes colores de ojo representados por los elementos de dicha clase de equivalencia. El conjunto de fenotipos Fe de la población es el conjunto de los fenotipos individuales. Cada fenotipo individual tiene la estructura de una tupla donde cada miembro de la tupla es una característica que muestra el individuo. El conjunto de los fenotipos de la población Fe se construye mediante el producto cartesiano entre las clases de equivalencia de C . Los elementos de C están ilustrados en el diagrama para representar la notación del mendelismo. La función α representa la noción de fenotipo individual de manera que le asigna a cada individuo de la generación t_i un fenotipo o descripción en términos de sus características. Un individuo está representado por un punto en el conjunto Fe .

El conjunto de hijos de una pareja de individuos de la generación t_i es el conjunto de individuos de la generación t_{i+1} que se desarrollaron de un cigoto que fue producto de la unión de un gameto proveniente del padre y un gameto proveniente de la madre. Los elementos del conjunto de fenotipos de los hijos se generan al aplicar la función α a cada uno de los hijos. El conjunto de descripciones fenotípicas de los hijos es un subconjunto del conjunto de descripciones fenotípicas de la población Fe .

La caracterización de un ciclo en el proceso de desarrollo de un organismo (TMH_2) se puede lograr con un modelo descrito por una tupla de cincuenta y dos elementos: Fec1, Fec2, Fec3, Int, ProfT, Prof, MetA, MetB, Ana, Tel, Seg, Mor, Dif, Cre, Inte, ProI, ProIa, MetI, AnaI, TelI, IntII, ProII, MetII, AnaII, TelII, DFec1, DFec2, DFec3, DInt, DProfT, DProf, DMetA, DMetB, DAna, DTel, DSeg, DMor, DDif, DCre, DInte, DProI, DProIa, DMetI, DAnaI, DTelI, DIntII, DProII, DMetII, DAnaII, DTelII, FDDO y FTDO. Esta caracterización corresponde a la descripción en términos citológicos y de desarrollo ontogénico del cono que representa a un individuo.

Con los primeros cuarenta elementos de TMH_2 se puede construir un conjunto de fases de desarrollo ontogénico FaseDO. Sobre el conjunto FaseDO se puede introducir una partición de cuatro clases de equivalencia donde cada una de estas representa uno de los procesos de fecundación, división celular (mitosis), desarrollo y formación de gametos (meiosis). Tomando las fases según el orden en TMH_2 el conjunto que contiene las fases de la fecundación Fec contiene las primeras tres, el conjunto que contiene las fases de la mitosis Mit contiene los siguientes siete elementos, el conjunto que contiene las fases del desarrollo Des contiene las siguientes cuatro y el conjunto que contiene las fases de la meiosis Mei contiene las últimas once.

El conjunto DescDO contiene a las descripciones de cada una de las fases contenidas en el conjunto FaseDO. Un ciclo en el desarrollo de un organismo se ve como una secuencia de fases en donde la caracterización de una fase se obtiene aplicando una función de descripción FDDO a dicha fase y el cambio de una fase a la siguiente se logra aplicando una función de transición FTDO a la primera.

El proceso de fecundación y formación del cigoto se considera constituido de tres fases: la fase Fec1 en que los espermatozoides se adhieren al óvulo, la fase Fec2 en que el núcleo y el centriolo del espermatozoide penetran hacia el interior del óvulo y la fase Fec3

o formación del cigoto. Así el proceso de fecundación queda especificado de la siguiente manera:

FDDO(Fec1) = Los espermatozoides secretan enzimas digestivas que perforan la membrana o la capa de células del folículo que recubre el óvulo.

FTDO(Fec1) = Fec2

FDDO(Fec2) = El núcleo y un centriolo del espermatozoide penetran el óvulo. La entrada de la cabeza del espermatozoide es seguida por transformaciones rápidas y drásticas en el interior del óvulo. Estos cambios impiden que el contenido de otros espermatozoides contribuya a la formación del cigoto.

FTDO (Fec2) = Fec3

FDDO (Fec3) = El centriolo del espermatozoide que penetró inicia la formación de un huso sobre el cual se distribuyen primero los cromosomas procedentes del espermatozoide y luego los del óvulo. Así se forma el cigoto con un número diploide de cromosomas.

Luego de la formación del cigoto el organismo comienza a desarrollarse a partir de ciertas divisiones mitóticas. La mitosis se considera constituida de siete fases: interfase Int, profase temprana ProfT, profase Prof, metafase a MetA, metafase b MetB, anafase Ana y telofase Tel. Así el proceso de mitosis queda especificado de la siguiente manera:

FDDO(Int) = Los cromosomas ya se han duplicado.

FTDO(Int) = ProfT

FDDO(ProfT) = El nucleolo y la membrana nuclear comienzan a desaparecer. Los cromosomas comienzan a condensarse.

FTDO (ProfT) = Prof

FDDO(Prof) = Los cromosomas ya se han acortado y se ve cada uno como dos cromátidas unidas por un centrómero.

FTDO(Prof) = MetA

FDDO(MetA) = Se hace visible el huso mitótico y los cromosomas se alinean con respecto al eje ecuatorial de la división celular.

FTDO(MetA) = MetB

FDDO(MetB) = Los centrómeros se duplican.

FTDO(MetB) = Ana

FDDO(Ana) = Los cromosomas homólogos se separan hacia polos opuestos guiados por el huso mitótico.

FTDO(Ana) = Tel

FDDO(Tel) = Los cromosomas se han separado completamente y se observan dos núcleos bien definidos. La membrana celular se indenta para dar lugar a dos células distintas.

‘Desarrollo ontogénico’ es el término utilizado para describir los cambios que ocurren en el organismo luego de la formación del cigoto y que dan lugar a un individuo. El desarrollo ontogénico se considera constituido de cuatro fases: la segmentación Seg, la morfogénesis Mor, la diferenciación Dif y el crecimiento Cre. Así el proceso queda especificado de la siguiente manera:

FDDO(Seg) = El cigoto experimenta una serie prolongada de divisiones mitóticas. Durante esta etapa no ocurre crecimiento considerable, la masa original del cigoto ha sido segmentada en unidades cada vez más pequeñas. Se forma una cavidad llena de líquido al que se le denomina blastocelo. Por esto a esta esfera se le conoce como blástula.

FTDO(Seg) = Mor

FDDO(Mor) = Las células que se originaron en el proceso de segmentación continúan dividiéndose y se organizan en masas diferentes aunque la estructura de las mismas es similar en todas. Se da un movimiento de células hacia el interior de la masa lo que marca el comienzo de la fase de gástrula. Se forman tres capas celulares primarias: el ectodermo, el mesodermo y el endodermo. A partir de estas capas se forman los diversos órganos y sistemas del cuerpo.

FTDO(Mor) = Dif

FDDO(Dif) = Las células del organismo en desarrollo comienzan a adoptar la estructura y las funciones especializadas de los diferentes órganos. Esto se logra sintetizando cada célula una proteína particular característica de cada tipo de célula.

FTDO(Dif) = Cre

FDDO(Cre) = El organismo aumenta el tamaño debido a la división celular o al aumento en tamaño de las células.

La formación de las células gaméticas es posible ya que durante el proceso de meiosis el contenido cromosómico de las células somáticas es reducido a la mitad. De esta manera, cuando ocurre la unión gamética para formar un cigoto entre un espermatozoide y un óvulo, se restaura el contenido cromosómico de las células somáticas en el nuevo individuo. La meiosis se considera constituida de once fases: interfase Inte, profase I ProI, profase Ia ProIa, metafase I MetI, anafase I AnaI, telofase I TelI, Interfase II IntII, profase II ProII, metafase II MetII, anafase II AnaII y telofase II TelII. Así, el proceso de meiosis queda especificado de la siguiente manera:

FDDO(Inte) = Los cromosomas se ya han duplicado.

FTDO(Inte) = ProI

FDDO(ProI) = Los cromosomas se hacen visibles y aparecen como hebras sencillas.

FTDO(ProI) = ProIa

FDDO(ProIa) = La membrana nuclear comienza a desaparecer. Los cromosomas homólogos se aparean unidos por centrómeros. El sobrecruzamiento puede ocurrir en esta fase.

FTDO(ProIa) = MetI

FDDO(MetI) = Aparece el huso meiótico y las parejas de cromosomas homólogos se alinean con respecto al eje ecuatorial de la división celular.

FTDO(MetI) = AnaI

FDDO(AnaI) = Los cromosomas homólogos se separan guiados por el huso meiótico.

FTDO(AnaI) = TelI

FDDO(TelI) = La membrana celular se indenta para dar lugar a dos células distintas. Ocurre la primera división meiótica. Se forman las membranas nucleares y los cromosomas se alargan.

FTDO(TelI) = IntII

FDDO(IntII) = Esta es la etapa entre la primera división meiótica y la segunda.

FTDO(IntII) = ProII

FDDO(ProII) = La membrana nuclear comienza a desaparecer. Los cromosomas se condensan.

FTDO(ProII) = MetII

FDDO(MetII) = Los centrómeros se duplican.

FTDO(MetII) = AnaII

FDDO(AnaII) = Las cromátidas homólogas se separan hacia polos opuestos guiadas por el huso meiótico.

FTDO(AnaII) = TelII

FDDO(TelII) = Las cromátidas homólogas se han separado y se observan dos núcleos bien diferenciados. La membrana celular se indenta para dar lugar a dos células distintas. Se forman cuatro células producto de las dos divisiones.

La caracterización de la parte teórica de TMH , TMH_3 , se puede lograr con un modelo descrito por una tupla de siete elementos: G (conjunto de genes), β (función de portación genética), δ (función de portación de estructuras de parejas de genes alelos de la célula somática), ε (función de portación de estructuras de genes alelos de una célula gamética), γ (función de gametogénesis), Ψ (función de fecundación) y σ (función que representa la ley causal que relaciona un grupo de genes a un grupo de características). G es un conjunto finito no vacío.

Sobre el conjunto de los genes G se puede introducir una partición donde cada clase de equivalencia contiene a los genes que codifican para una característica general de la especie. Por ejemplo, la clase de equivalencia relacionada con el color de ojos contiene los genes que codifican para los diferentes colores de ojo que se observan en la población.

El genotipo de un individuo es considerado como una tupla donde cada miembro de la tupla es una tupla que consiste de dos miembros: el grupo de genes provenientes del padre que codifican para un grupo de características y el grupo de genes provenientes de la madre que lo hacen para el mismo grupo de características. Para expresar el genotipo de la población G podemos tomar el producto cartesiano de G consigo mismo, luego tomar las proyecciones sobre cada tupla que representa la contribución genética de cada uno de los padres y finalmente hacer el producto cartesiano sobre las diferentes características. El conjunto de descripciones genotípicas de los hijos es un subconjunto del conjunto Ge .

La función β representa la noción de portación genética de un individuo de manera que le asigna a cada individuo de la generación t_i un conjunto de genes que tiene la estructura de tupla ya definida. Esta tupla es un elemento del conjunto Ge .

TMH postula que la transmisión de los genes de padres a hijos se da a través de grupos ligados de genes. Sobre el conjunto de grupos GL se puede introducir una partición donde cada clase de equivalencia representan los genes que se encuentran ligados. Cada clase de equivalencia está constituida por el producto cartesiano sobre el total de genes del conjunto que representa a los genes ligados.

Una vez contruidos los genes ligados podemos definir a los alelos y parejas de alelos. La función δ representa la noción de portación de estructuras de parejas de genes alelos de la célula somática PAI de la cual se generan los gametos. A partir del conjunto de grupos ligados GL se puede construir el conjunto de estructuras de secuencias de pares de genes alelos asociados a la espermátida o al oocito. El conjunto que representa las estructuras de parejas de genes alelos PAI se construye haciendo el producto cartesiano de los cuadrados de los grupos de genes ligados GL_i .

La función ϵ representa la noción de portación de estructuras de genes alelos de una célula gamética AI. Dichas estructuras también puede construirse a partir de GL tomando el producto cartesiano de los grupos de genes ligados GL_i .

La función γ representa la noción de gametogénesis de manera que de una espermátida o de un oocito se forman los espermatozoides o los óvulos. Aquí se considera lo que pasa en el nivel mendeliano-teórico con las estructuras de alelos y parejas de alelos. En la gametogénesis se pasa de una estructura de parejas de alelos a una de alelos sencillos. Cada gameto porta un alelo de manera que al ocurrir la fusión entre el gameto macho y el gameto hembra en la fecundación se restaura la estructura de parejas de alelos del individuo en el cigoto.

La función Ψ representa la noción de fecundación a nivel mendeliano-teórico. De una pareja de estructuras de genes alelos provenientes del padre y de la madre respectivamente se forma el genotipo del individuo de la generación t_{i+1} . Este individuo es un elemento del conjunto de hijos de la pareja.

La función σ representa la ley causal que relaciona un grupo de genes de un individuo a un grupo de características del mismo individuo. La teoría sólo afirma que un grupo de genes son la causa de la manifestación de un grupo de características en cada individuo. En esta teoría el elemento relacionado a los conceptos de recesividad y dominancia que era considerado por Mendel se descarta.

Teoría cromosómica de la herencia (TCH)

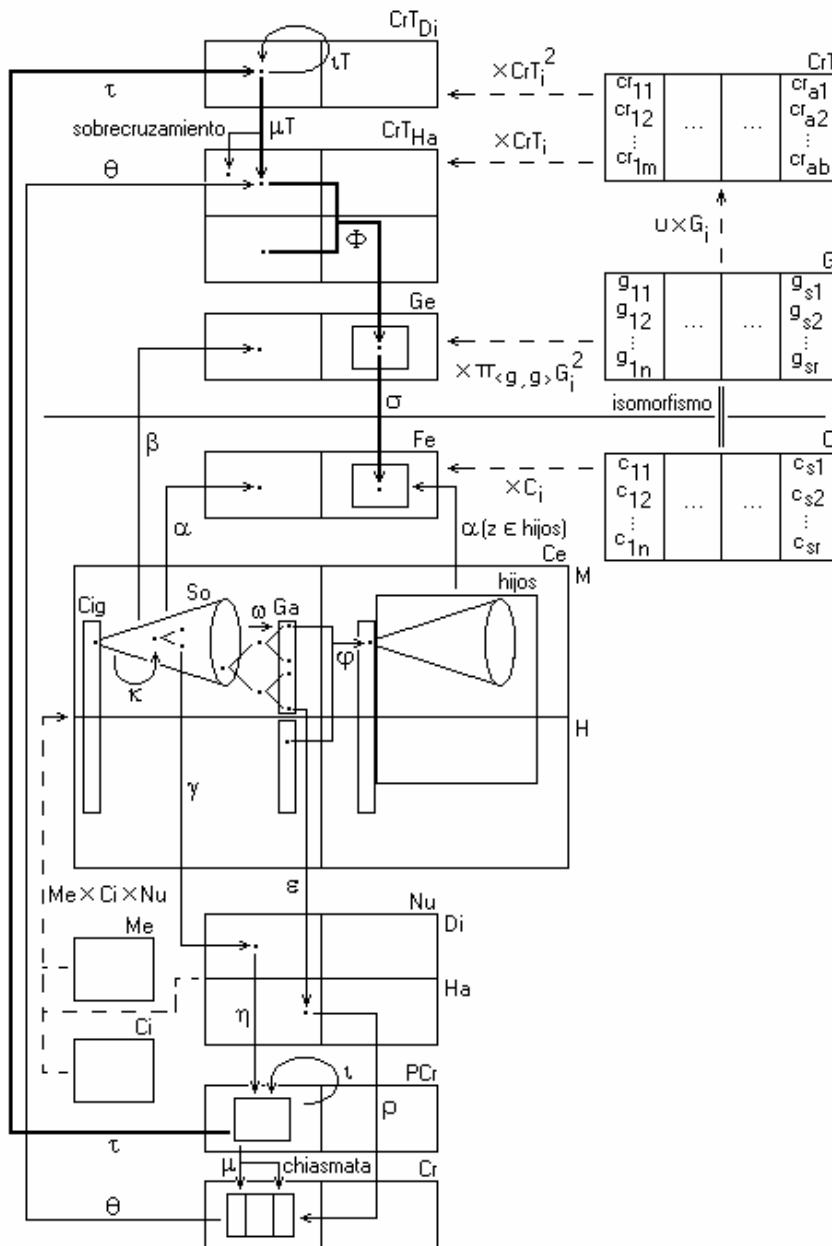


Figura 4- Diagrama conjuntista de TCH

La teoría cromosómica de la herencia (TCH) trata acerca del mecanismo de transmisión de los factores que son causantes de que los individuos exhiban las características de sus ancestros. Aunque los genes son considerados como la causa de las características que exhiben los organismos, la teoría no se pronuncia acerca del mecanismo de acción de los genes. TCH postula que las características de un individuo pueden relacionarse

con parejas de grupos de genes contenidas en el cigoto del cual proviene. Dichos genes están ligados en grupos determinados que son característicos de la especie ya que los genes se encuentran distribuidos entre los cromosomas asociados a dicha especie en formaciones lineales a lo largo de los mismos. En la formación de las células gaméticas, cada pareja de grupos de genes se separa, de manera que cada gameto contiene la mitad de la carga

cromosómica de la célula somática. Los genes pertenecientes a diferentes grupos ligados se recombinan independientemente pero ocasionalmente pueden ocurrir uno o varios intercambios de partes entre dos cromosomas del mismo tipo. La frecuencia de intercambio de partes entre los cromosomas da lugar a frecuencias de recombinación entre los genes de manera que dicho valor puede utilizarse como medida relativa de la separación que existe entre los genes en un cromosoma.

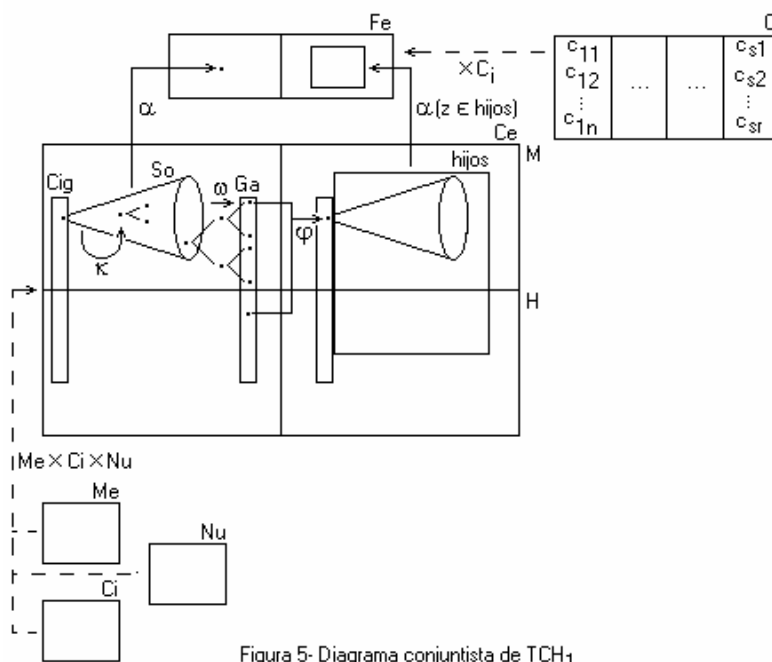


Figura 5- Diagrama conjuntista de TCH₁

Para propósitos de claridad presento la reconstrucción de TCH en cuatro partes. La primera parte, TCH₁, incluye la caracterización del nivel de los organismos y del nivel celular. La segunda, TMH₂, incluye la caracterización de un ciclo en el proceso de desarrollo de un organismo. La tercera, TCH₃, incluye la caracterización del nivel

subcelular citológico. La cuarta incluye la caracterización de la parte teórica de TCH, TCH₄.

La caracterización en el nivel del organismo y en el nivel celular (TCH₁) se puede lograr con un modelo descrito por una tupla de catorce elementos: T (el tiempo, determina la generación), M (conjunto de los machos de la población), H (conjunto de las hembras de la población), So (conjunto de células somáticas), Ga (conjunto de células gaméticas), Me (conjunto de membranas celulares), Ci (conjunto de citoplasmas), Cig (conjunto de cigotos), C (conjunto de características), λ (función de tiempo que asigna a un cierto elemento del modelo una generación particular), κ (función de portación de células somáticas), ω (función de portación de células gaméticas), φ (función de fecundación) y

α (función de descripción fenotípica). T, M, H, So, Ga, Di, Ha, Me, Ci, Cig y C son conjuntos finitos no vacíos.

El conjunto de individuos I está constituido por la unión entre el conjunto de machos M y el conjunto de hembras H de la población. Al igual que en TMH los individuos están representados por conos de desarrollo que comienzan con un cigoto y se van desarrollando en el tiempo. El conjunto I está constituido de esos individuos.

El conjunto de células Ce está constituido por elementos que tienen estructura de una tupla de tres elementos representando una membrana, un citoplasma y un núcleo asociado a cada célula. El conjunto de las células Ce se construye mediante el producto cartesiano entre el conjunto de las membranas celulares Me, el conjunto de los citoplasmas Ci y el conjunto de los núcleos celulares Nu. El conjunto de células Ce está constituido por la unión entre el conjunto de células somáticas So y el conjunto de células gaméticas Ga.

La función κ representa la noción de portación de células somáticas de manera que le asigna a cada individuo de la generación t_i un conjunto de células somáticas. La función ω representa la noción de portación de células gaméticas de manera que le asigna a cada individuo de la generación t_i un conjunto de células gaméticas.

La función ϕ representa la noción de fecundación de manera que le asigna a una pareja de células gaméticas de sexo opuesto de la generación t_i un cigoto de la generación t_{i+1} . Este cigoto se puede desarrollar y convertirse en uno de los hijos de la pareja de la cual provienen el espermatozoide y el óvulo.

Sobre el conjunto de las características de la especie se puede introducir una partición donde cada clase de equivalencia se asocia a una característica general de la especie y los elementos de dicho subconjunto representan las variantes de ese tipo de característica. Una clase de equivalencia es, por ejemplo, el color de ojos. Para esa característica general se tienen los diferentes colores de ojo representados por los elementos de dicha clase de equivalencia. El conjunto de fenotipos Fe de la población es el conjunto de los fenotipos individuales. Cada fenotipo individual tiene la estructura de una tupla donde cada miembro de la tupla es una característica que muestra el individuo. El conjunto de los fenotipos de la población Fe se construye mediante el producto cartesiano entre las clases de equivalencia de C. La función α representa la noción de fenotipo individual de manera que le asigna a cada individuo de la generación t_i un fenotipo o descripción en

términos de sus características. Un individuo está representado por un punto en el conjunto Fe.

El conjunto de hijos de una pareja de individuos de la generación t_i es el conjunto de individuos de la generación t_{i+1} que se desarrollaron de un cigoto que fue producto de la unión de un gameto proveniente del padre y un gameto proveniente de la madre. Los elementos del conjunto de fenotipos de los hijos se generan al aplicar la función α a cada uno de los hijos. El conjunto de descripciones fenotípicas de los hijos es un subconjunto del conjunto de descripciones fenotípicas de la población Fe.

La segunda parte, TCH₂, la caracterización de un ciclo en el proceso de desarrollo de un organismo, es idéntica a la formulada como TMH₂.

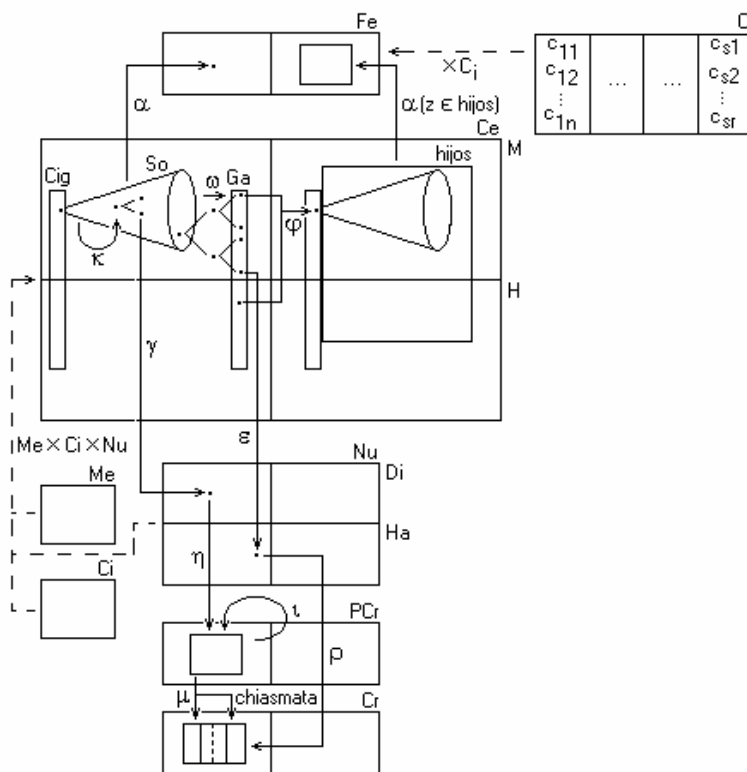


Figura 6- Diagrama conjuntista de TCH₃

La caracterización en el nivel subcelular TCH₃ supone las caracterizaciones TCH₁ y TCH₂ y añade un modelo descrito por una tupla de doce elementos: Di (conjunto de núcleos diploides asociados a las células somáticas), Ha (conjunto de núcleos haploides asociados a las células somáticas), PCr (conjunto de parejas de cromosomas homólogos asociadas a los núcleos diploides), Cr (conjunto de cromosomas homólogos sencillos asociados a los núcleos haploides), γ (función de portación de núcleos diploides por parte de las células somáticas), ϵ (función de portación de núcleos haploides por parte de las células gaméticas), η (función de portación de conjunto de parejas de cromosomas homólogos de la especie por parte de los núcleos diploides), ρ (función de portación de conjunto de cromosomas homólogos sencillos de la

especie por parte de los núcleos haploides), μ (función de portación de conjunto de cromosomas homólogos sencillos de la especie por parte de los núcleos haploides), κ (función de portación de conjunto de cromosomas homólogos sencillos de la especie por parte de los núcleos diploides), ω (función de portación de conjunto de cromosomas homólogos sencillos de la especie por parte de los núcleos haploides), ϕ (función de portación de conjunto de cromosomas homólogos sencillos de la especie por parte de los núcleos haploides), $chiasmata$ (función de portación de conjunto de cromosomas homólogos sencillos de la especie por parte de los núcleos haploides).

especie por parte de los núcleos haploides), τ (función que representa la mitosis en el nivel citológico), $\tau\sigma$ (función que actúa sobre el conjunto de células somáticas de un individuo y aumenta el número de estas por uno), μ (función que representa la meiosis en el nivel citológico) y $\mu\gamma$ (función actúa sobre el conjunto de células somáticas y células gaméticas de un individuo y aumenta el número de las segundas por cuatro y disminuye el número de las primeras por uno). D_i , H_a , PCr y Cr son conjuntos finitos no vacíos.

La importancia de la teoría cromosómica de la herencia radicó en el hecho de hacer sus planteamientos teóricos a nivel subcitológico, específicamente a nivel del núcleo de la célula y de las estructuras nucleares conocidas como cromosomas.

El conjunto de núcleos de la población Nu está constituido por la unión entre el conjunto de núcleos diploides D_i y el conjunto de núcleos haploides H_a . Los núcleos diploides corresponden a los de las células somáticas y los haploides a los de las células gaméticas. La función γ representa la noción de portación de núcleo diploide de una célula somática y le asigna a cada célula somática de la generación t_i un núcleo diploide. La función ε representa la noción de portación de núcleo haploide de una célula gamética y le asigna a cada célula gamética de la generación t_i un núcleo haploide.

La teoría distingue los dos tipos de núcleo celular a base de contenido cromosómico de los mismos. La función η representa la noción de portación de parejas de cromosomas homólogos de un núcleo diploide y le asigna a cada núcleo diploide de la generación t_i un conjunto de parejas de cromosomas homólogos. Este conjunto corresponde al conjunto de cromosomas que contiene todo individuo de la especie. La función ρ representa la noción de portación de cromosomas homólogos sencillos de un núcleo haploide y le asigna a cada núcleo haploide de la generación t_i un conjunto de cromosomas homólogos sencillos. Cuando la espermátida o el oocito por el proceso de meiosis da lugar a cuatro espermatozoides o a cuatro óvulos, según sea el caso, el contenido cromosómico se reduce a la mitad, pasando de parejas de cromosomas homólogos a cromosomas homólogos sencillos.

La función τ representa la mitosis en el nivel citológico donde el resultado es la generación de células somáticas a partir de células somáticas. Esto aumenta el número de parejas de cromosomas por una cantidad equivalente al número de pares de cromosomas asociado a un núcleo diploide. La función $\tau\sigma$ actúa sobre el conjunto de células somáticas

de un individuo y aumenta el número de estas por uno. En términos del contenido cromosómico de las células no hay cambio, se mantiene la estructura de parejas de cromosomas homólogos. La función μ representa la meiosis en el nivel citológico donde el resultado es la generación de cromosomas sencillos a partir de parejas de cromosomas homólogos. La función $\mu\gamma$ actúa sobre el conjunto de células somáticas y células gaméticas de un individuo y aumenta el número de las segundas por cuatro y disminuye el número de las primeras por uno. Cada célula gamética va a contener la mitad del contenido cromosómico que el de una célula somática. Durante el proceso de meiosis la estructura de los núcleos cambia de parejas de cromosomas homólogos a cromosomas homólogos sencillos. Luego del proceso de meiosis el total de parejas de cromosomas homólogos disminuye por un valor equivalente al número de pares de cromosomas asociados a un núcleo diploide, y el total de estructuras de cromosomas sencillos asociados a un núcleo haploide aumentan por cuatro veces las asociadas a un núcleo haploide.

La caracterización de la parte teórica de TCH, TCH_4 , supone las caracterizaciones TCH_1 , TCH_2 y TCH_3 y, añade un modelo descrito por una tupla de doce elementos: G (conjunto de genes de la población), τ (función de portación de estructuras de parejas de cromosomas homólogos por parte de los conjuntos de parejas de cromosomas homólogos), θ (función de portación de estructuras de cromosomas homólogos sencillos por parte de los conjuntos cromosomas homólogos sencillos), β (función de portación genética), ιT (función de mitosis a nivel TCH teórico), μT (función de meiosis a nivel TCH teórico), $\mu\gamma T$ (función que actúa sobre el conjunto de estructuras de cromosomas asociadas a núcleos diploides y el de estructuras de cromosomas asociadas a núcleos haploides y aumenta el número de las segundas por cuatro y disminuye el número de las primeras por uno), f (función de frecuencia de separación de genes de un mismo cromosoma), d (distancia relativa de separación entre dos genes de un cromosoma), P (función de probabilidad de separación de dos genes del mismo cromosoma), Φ (función de fecundación a nivel TCH teórico) y σ (función que representa la ley causal que relaciona un grupo de genes a un grupo de características). G es un conjunto finito no vacío.

Sobre el conjunto de genes G de la especie se puede introducir una partición donde cada clase de equivalencia se asocia al grupo de genes que causan un grupo de características de la especie y los elementos de dicha clase son las variantes de los grupos

de genes para ese grupo de características. Existe un isomorfismo entre el conjunto G y el conjunto C en términos de que la estructura de las particiones es idéntica y existe una correspondencia uno a uno entre grupos de genes y grupos de características. El genotipo de un individuo es un elemento del conjunto G_e y es considerado como secuencias de pares de genes donde para cada par uno proviene del padre y el otro de la madre. El genotipo de la población se construye tomando el producto cartesiano de G consigo mismo, tomando las proyecciones sobre parejas de genes y finalmente tomando el producto cartesiano sobre todos los genes. La función β representa la noción de portación genética de un individuo de manera que le asigna a cada individuo de la generación t_i un genotipo que es un elemento del conjunto G_e .

Sobre el conjunto de estructuras de cromosomas en términos de genes CrT de la población se puede introducir una partición donde cada clase de equivalencia se asocia a un cromosoma en particular de la población. Cada cromosoma está constituido de una secuencia lineal de genes de manera que si no se considera el sobrecruzamiento entre los cromosomas los genes localizados en un cromosoma se transmiten de manera ligada. El conjunto CrT contiene todos los diferentes tipos de cromosoma de cada clase de la población. El conjunto CrT se construye tomando el producto cartesiano entre las clases de equivalencia de G que se consideran localizadas en los diferentes cromosomas y construyendo la unión entre estos.

Una vez construida la estructura de cromosomas a nivel teórico CrT se pueden definir las estructuras de cromosomas en términos de genes que corresponden al conjunto de parejas de cromosomas homólogos y al de cromosomas homólogos sencillos. El conjunto CrT_{Di} se construye tomando el producto cartesiano sobre las clases de equivalencia de CrT de los cuadrados de sus clases de equivalencia. El conjunto CrT_{Ha} se construye tomando el producto cartesiano sobre las clases de equivalencia de CrT .

La función τ representa la noción de arreglo cromosómico del conjunto que contiene las parejas de cromosomas asociadas a un núcleo diploide de manera que le asigna a cada conjunto de cromosomas de un núcleo diploide una estructura en términos de cromosomas en el nivel teórico CrT_{Di} . Esta estructura se representa por una tupla donde cada elemento de la tupla representa una pareja de cromosomas homólogos o secuencia de parejas de genes. La función θ representa la noción de arreglo cromosómico del conjunto que contiene

los cromosomas homólogos sencillos asociadas a un núcleo haploide de manera que le asigna a cada conjunto de cromosomas de un núcleo haploide una estructura en términos de cromosomas en el nivel teórico CrT_{Ha} . Esta estructura se representa por una tupla donde cada elemento de la tupla representa un cromosoma homólogo o secuencia de genes sencillos.

La mitosis en el nivel teórico τT representa la noción de duplicación de cromosomas y subsecuente separación de los mismos de manera que al actuar sobre un grupo de estructuras cromosómicas de núcleos diploides aumenta por uno el número de los mismos. Esto hace posible el aumento en número de las células somáticas del individuo. La meiosis en el nivel teórico μT representa la noción de duplicación de cromosomas y subsecuente doble separación de los mismos de manera que al actuar sobre un grupo de estructuras de parejas de cromosomas genera un número de estructuras de cromosomas homólogos sencillos. La función $\mu\gamma T$ actúa sobre el conjunto de estructuras de cromosomas asociadas a núcleos diploides y de estructuras de cromosomas asociadas a núcleos haploides y aumenta el número de las segundas por cuatro y disminuye el número de las primeras por uno. Esto hace posible la formación de cuatro células gaméticas a partir de una célula somática.

Luego del proceso de meiosis es probable que algunos cromosomas homólogos hayan intercambiado segmentos mediante uno o más sobrecruzamientos. La función f le asigna a una pareja de genes de un mismo cromosoma una frecuencia relativa con la cual aparecen separados luego del proceso de meiosis. El valor de f se supone dado por medición. El valor de esta frecuencia corregido para considerar dobles sobrecruzamientos da una medida de la distancia d de separación relativa entre los genes. El fundamento de la ley es que la probabilidad P de que dos genes que se encuentran localizados en un mismo cromosoma se separen luego de un sobrecruzamiento depende de la separación relativa d que existe entre ellos. Si se consideran dos sobrecruzamientos la probabilidad de que queden separados los dos genes debe ser corregida para considerar algún segundo sobrecruzamiento con un tercer gen localizado entre los primeros dos. Así, la probabilidad total es la probabilidad de que se de un sobrecruzamiento entre dos genes menos la probabilidad de que se de otro segundo sobrecruzamiento con un tercer gen intermedio.

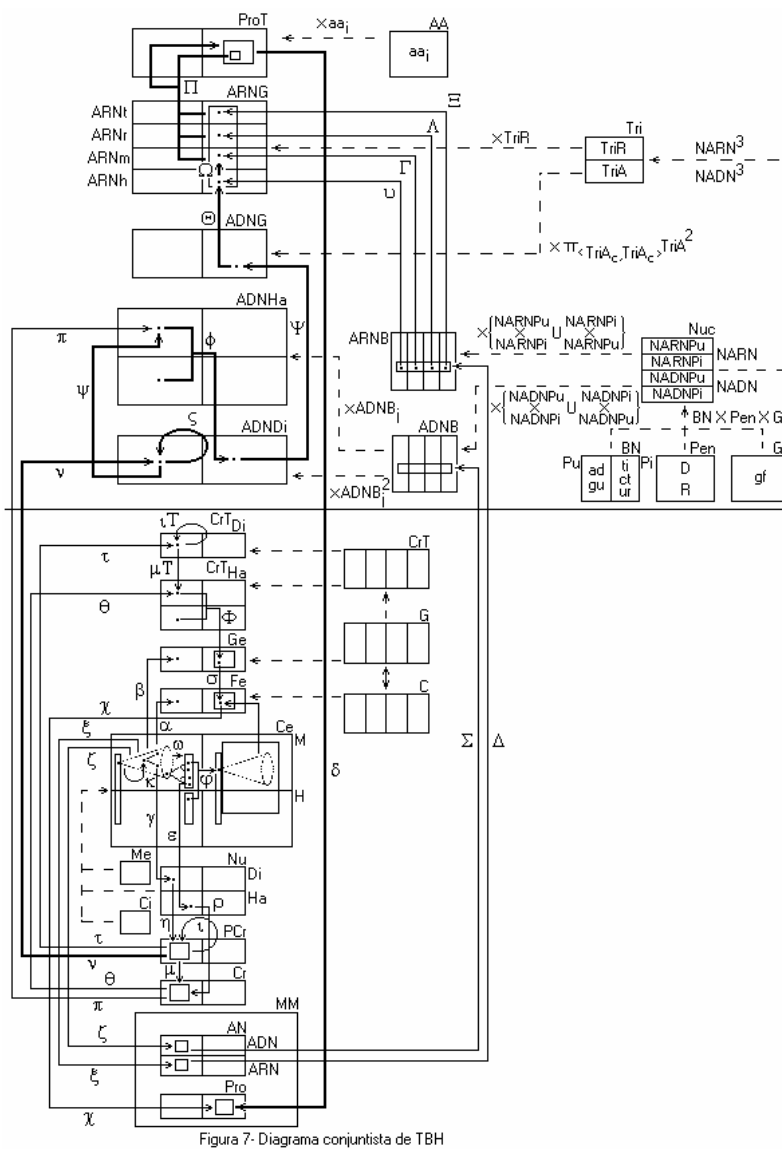
Si ocurren sobrecruzamientos se altera la estructura del conjunto de cromosomas homólogos sencillos durante la meiosis. En estos casos las secuencias de genes entre los

cromosomas son intercambiadas de manera que las secuencias de genes de un cromosoma se alteran para permitir la formación de cromosomas con contenido genético del padre y de la madre al mismo tiempo.

La función Φ representa la noción de unión entre estructuras de cromosomas homólogos sencillos producto de la fecundación. Dicha unión da lugar al genotipo del hijo. El genotipo del nuevo individuo se obtiene tomando el producto cartesiano de la estructura de cromosomas sencillos asociada con un espermatozoide del padre con la estructura de cromosomas sencillos asociada con un óvulo de la madre.

La función σ representa la ley causal que relaciona un grupo de genes de un individuo a un grupo de características del mismo individuo. La teoría sólo afirma que un grupo de genes son la causa de la manifestación de un grupo de características en cada individuo.

Teoría bioquímica de la herencia (TBH)



Con relación al problema de la herencia podemos decir que la teoría bioquímica de la herencia desarrollada principalmente en el siglo XX de manera paralela a la genética clásica, ha contribuido grandemente a su solución. Podemos considerar a TBH como la teoría bioquímica que intenta resolver el problema de la herencia en el nivel molecular. La bioquímica es la disciplina que se encarga de caracterizar los procesos biológicos en el nivel molecular. El concepto de macromolécula ha sido

fundamental en el estudio de esta disciplina. Los bioquímicos utilizan una serie de técnicas experimentales y reglas metodológicas mediante las cuales se le asigna a cada sustancia analizada un conjunto de estructuras. La bioquímica también interesa describir los procesos que se dan en los organismos en el nivel molecular y en este sentido ha esclarecido muchos de los mismos. Relacionado con el problema de la herencia la bioquímica ha establecido una diferencia importante entre las proteínas y los ácidos nucleicos. La bioquímica, en lo que respecta a este problema, investiga las estructuras de las sustancias relacionadas con la

herencia y la manera en que interactúan estas sustancias para lograr la transmisión y expresión de los genes.

La bioquímica resolvió cada una de las dos partes del problema de la herencia en dos épocas históricas separadas. Históricamente el reconocimiento del triplete como la estructura genética fundamental surgió posteriormente al del reconocimiento del nucleótido como la unidad estructural de la molécula de ADN. El problema de descifrar el código genético permaneció sin resolver hasta después de haber sido descritos los componentes y los procesos relacionados con el problema de la transmisión. La mutación genética y los diferentes tipos de mutación que se dan en los organismos son conceptos que no se pueden enmarcar en la bioquímica si no se considera el triplete como la estructura genética fundamental. Finalmente, el descubrimiento de los diferentes tipos de ARN y su función fueron hechos relacionados con el problema de la acción de los genes, el cual se vino a resolver hasta la séptima década del siglo XX, a diferencia del problema de la transmisión que ya estaba resuelto a principios de la sexta década del siglo XX.

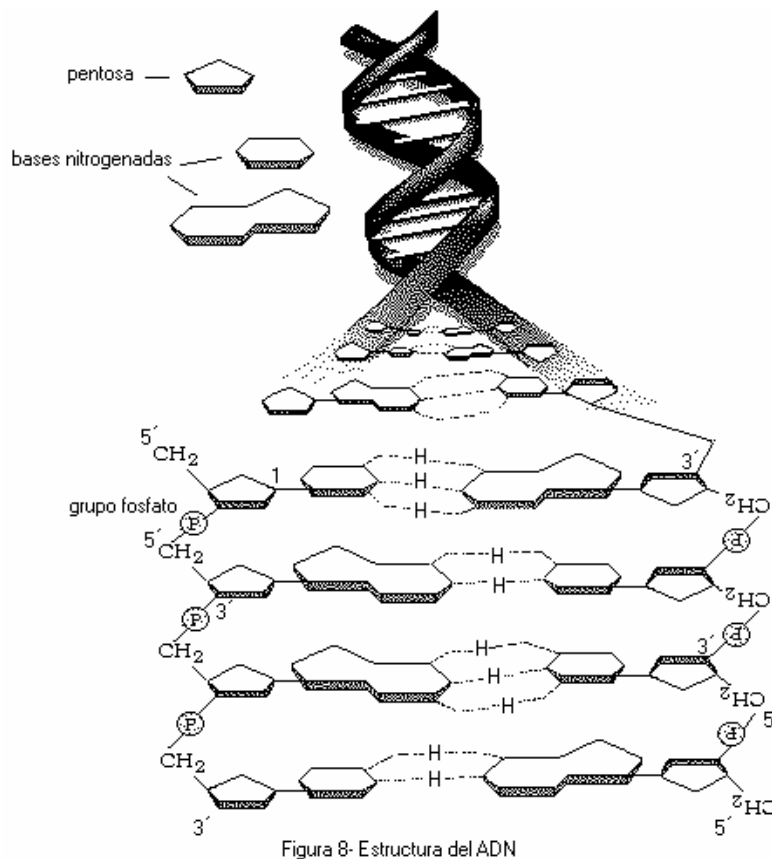
La reconstrucción que presento aquí corresponde a la que se expone en los libros de bioquímica general como el de Lehninger. TBH presupone a TCH. Para propósitos de claridad presento primero la reconstrucción de la parte de TBH que es pertinente al problema de la transmisión de los genes TBHT. Luego presento la reconstrucción de la parte de la bioquímica que es pertinente al problema de la acción de los genes TBHG. TBH introduce en el nivel no teórico una serie de funciones que relacionan algunos de los elementos de TCH con un conjunto de propiedades de ciertas sustancias que permite asignarle un conjunto de estructuras a dichos elementos. Estas estructuras son caracterizaciones a nivel molecular de las entidades involucradas en el fenómeno de la herencia.

La reconstrucción conjuntista que presento establece que un modelo de TBHT está descrito por una tupla que añade a lo que aporta TCH dieciocho elementos primitivos: ADN (conjunto de moléculas de ADN de la población a nivel TBH no teórico), ARN (conjunto de moléculas de ARN de la población a nivel TBH no teórico), Pro (conjunto de proteínas de la población a nivel TBH no teórico), BN (conjunto que contiene el arreglo químico de las bases nitrogenadas que forman parte de la estructura de los ácidos nucleicos), Pen (conjunto que contiene el arreglo químico de las moléculas de pentosa que

forman parte de la estructura de los ácidos nucleicos), GF (conjunto que contiene el arreglo químico del grupo fosfato que forma parte de la estructura de los ácidos nucleicos), AA (conjunto de aminoácidos que forman parte de las proteínas asociadas a los fenómenos biológicos), χ (función de portación de proteínas), ξ (función de portación de ADN), ζ (función de portación de ARN), δ (función de caracterización de proteínas en términos bioquímicos), π (función de caracterización de parejas de cromosomas homólogos en términos bioquímicos), ν (función de caracterización de cromosomas homólogos sencillos en términos bioquímicos), Σ (función de caracterización de ADN a nivel TBH no teórico en términos bioquímicos), Δ (función de caracterización de ARN a nivel TBH no teórico en términos bioquímicos), ς (función de duplicación del ADN), ψ (función de formación de estructuras de cadenas de ADN sencillas) y ϕ (función de formación de estructuras de dobles cadenas de ADN). ADN, ARN, Pro, BN, Pen, GF y AA son conjuntos finitos no vacíos.

El conjunto MM contiene las sustancias que se consideran como constituidas de macromoléculas. Estas sustancias muestran ciertas propiedades, tanto físicas como químicas. Mediante estas propiedades se les determina un conjunto de estructuras asociadas a ellas. Las macromoléculas más importantes son los ácidos nucleicos y las proteínas. El conjunto de ácidos nucleicos AN y el conjunto de proteínas Pro son subconjuntos de MM. Sobre el conjunto de ácidos nucleicos AN se puede introducir una partición compuesta por dos clases de equivalencia: el conjunto ADN de las sustancias constituidas por ADN y el conjunto ARN de las sustancias constituidas por ARN.

La función χ le asocia a cada individuo un conjunto de proteínas que corresponden a su caracterización fenomenológica fenotípica. Este conjunto de proteínas se ve como un conjunto de sustancias que presentan ciertas propiedades físicas y químicas. La función ζ representa la noción de portación de un conjunto de moléculas de ADN por parte de un individuo. Este conjunto de moléculas de ADN se ve como un conjunto de sustancias que presentan ciertas propiedades físicas y químicas. La función ξ representa la noción de portación de un conjunto de moléculas de ARN por parte de un individuo. Este conjunto de moléculas de ARN se ve como un conjunto de sustancias que presentan ciertas propiedades físicas y químicas.



TBH introduce las estructuras fundamentales con las que construye las demás. Estas son BN, Pen, GF y AA. Sobre el conjunto de bases nitrogenadas BN se puede introducir una partición de dos clases de equivalencia donde una representa el conjunto de las bases purínicas Pu que se encuentran en los ácidos nucleicos y la otra representa el conjunto de las bases pirimidínicas Pi que se encuentran en los

ácidos nucleicos. Las bases purínicas son adenina ad y guanina gu. Las pirimidínicas son timina ti, citocina ci y uracilo ur.

El conjunto de las azúcares Pen contiene sólo dos elementos: desoxiribosa D y ribosa R. La desoxiribosa es el azúcar que se encuentra en el ADN mientras que la ribosa es el que se encuentra en el ARN. El conjunto del grupo fosfato GF contiene sólo un elemento: el grupo fosfato. El conjunto de los aminoácidos AA esta constituido por los veinte aminoácidos representados por aa_i que estructuran las proteínas en los organismos.

Cada proteína en el nivel bioquímico teórico es un elemento de ProT y se puede representar mediante una tupla donde cada elemento de la misma es uno de los 20 aminoácidos que constituyen las proteínas en los seres vivos. El contenido de proteínas de un individuo puede representarse como un subconjunto de ProT. Para obtener la estructura de una proteína se ejecuta el producto cartesiano entre los aminoácidos que se necesitan para formar la proteína. Esta proteína está constituida por una secuencia particular de

aminoácidos y esto es lo que determina la manera en que se debe hacer el producto cartesiano. La función δ le asigna a una sustancia (ProT) que en el nivel bioquímico se le asigna una cierta estructura teórica unas ciertas características y propiedades (Pro) a nivel TBH no teórico. Mediante dichas propiedades y la aplicación de ciertas técnicas de la física y de la química se le puede asignar la estructura teórica.

TBH adopta la nomenclatura de la química orgánica de manera que la descripción de los tres grupos principales que forman los nucleótidos obedece a la misma. De especial importancia resultan las posiciones 5' y 3' de la pentosa en cada caso. Las posiciones de la pentosa se denotan con primas para no confundir con las que corresponden a las bases nitrogenadas. El espinazo de la molécula de ADN, o ARN según sea el caso, consiste de una secuencia alternada de pentosa y grupo fosfato, en específico un átomo de oxígeno del grupo fosfato se combina mediante un enlace covalente con el átomo de carbono localizado en la posición 3'. Por el otro lado un átomo de oxígeno del fosfato se combina con el átomo de carbono que se encuentra en la posición 5'. Esto define una dirección $5' \rightarrow 3'$ para cada una de las cadenas, donde debido a la estructura de la molécula la dirección $5' \rightarrow 3'$ de una de las cadenas queda en dirección opuesta a la de la otra. La base nitrogenada queda asociada a la posición 1'.

Sobre el conjunto de los nucleótidos Nuc se puede introducir una partición donde una clase de equivalencia contiene a los nucleótidos que se encuentran en el ADN y la otra clase contiene a los nucleótidos que se encuentran en el ARN. Sobre la primera clase de equivalencia NADN se puede introducir a su vez una partición donde la primera clase de equivalencia representa a los nucleótidos que contienen bases purínicas y que se encuentran en el ADN y la segunda representa a los nucleótidos que contienen bases pirimidínicas y que se encuentran en el ADN. La primera clase de equivalencia se construye tomando el producto cartesiano entre el conjunto que contiene como único elemento a la desoxiribosa D, el conjunto de las bases purínicas Pu, y el conjunto del grupo fosfato GF. La segunda clase de equivalencia se construye tomando el producto cartesiano entre el conjunto que contiene como único elemento a la desoxiribosa D, el conjunto que contiene a las bases pirimidínicas timina ti y citosina ci, y el conjunto del grupo fosfato GF.

Sobre la segunda clase de equivalencia del conjunto Nuc, NARN, se puede introducir a su vez una partición donde la primera clase de equivalencia representa a los

nucleótidos que contienen bases purínicas y que se encuentran en el ARN y la segunda representa a los nucleótidos que contienen bases pirimidínicas y que se encuentran en el ARN. La primera clase de equivalencia se construye tomando el producto cartesiano entre el conjunto que contiene como único elemento a la ribosa R, el conjunto de las bases purínicas Pu, y el conjunto del grupo fosfato GF. La segunda clase se construye tomando el producto cartesiano entre el conjunto que contiene como único elemento a la ribosa R, el conjunto que contiene a las bases pirimidínicas uracilo ur y citosina ci, y el conjunto del grupo fosfato GF.

Sobre el conjunto de las estructuras de las moléculas de ADN en el nivel bioquímico teórico ADN_B se puede introducir una partición donde cada clase de equivalencia representa la estructura de una molécula de ADN de la población. Cada clase de equivalencia contiene las moléculas de ADN que corresponden a cada individuo y que podemos representar como ad_{ij} . Cada uno de las moléculas ad_{ij} se construye a base del conjunto de nucleótidos de ADN NADN. Para representar la estructura de doble cadena de la molécula de ADN, cada uno de estos elementos de ADN_B tiene la estructura de una tupla donde cada elemento de la tupla es a su vez una tupla de dos elementos tal que si el primer miembro de esta tupla es un nucleótido que contiene adenina, entonces, el segundo miembro es un nucleótido que contiene timina y viceversa, y si el primer miembro de esta tupla es un nucleótido que contiene citosina, entonces, el segundo miembro es un nucleótido que contiene guanina y viceversa. La cardinalidad de la primera tupla depende de la cantidad de nucleótidos necesaria para caracterizar la molécula de ADN que se esté considerando.

Sobre el conjunto de las estructuras de las moléculas de ARN en el nivel bioquímico teórico ARN_B se puede introducir una partición donde cada clase de equivalencia representa un tipo particular de ARN con una función específica de la especie. Cada clase de equivalencia contiene las moléculas de ARN que corresponden a cada individuo y que podemos representar como arn_{ij} . Cada uno de las moléculas arn_{ij} se construye a base del conjunto de nucleótidos de ARN ARN_B. Cada uno de estos elementos de ARN_B tiene la estructura de una tupla donde cada elemento de la tupla representa algún nucleótido de la secuencia de cadena sencilla de la molécula de ARN.

La función Σ le asigna un conjunto de estructuras bioquímico teóricas ADN_B al conjunto que representa el ADN de un individuo y la función Δ le asigna un conjunto de estructuras bioquímico teóricas ARN_B al conjunto que representa el ARN de un individuo. Las estructuras de ADN varían según sea el tipo de núcleo celular. Las estructuras asignadas a los núcleos diploides ADND_i y a las estructuras asignadas a los núcleos haploides ADN_{Ha} se construyen del conjunto ADN_B. Las primeras se construyen tomando el producto cartesiano de los cuadrados de las clases de equivalencia de ADN_B. Las segundas se construyen tomando el producto cartesiano de las clases de equivalencia de ADN_B.

La función ν le asigna a cada conjunto de parejas de cromosomas homólogos de un núcleo diploide una descripción de su estructura en términos de secuencias de parejas de estructuras de ADN ADND_i. Cada elemento de este conjunto tiene la estructura de una tupla donde cada elemento de la tupla representa la estructura de una pareja de cromosomas homólogos en términos de los nucleótidos que contiene. La función π le asigna a cada conjunto de cromosomas homólogos sencillos de un núcleo haploide una descripción de su estructura en términos de secuencias de estructuras sencillas de ADN ADN_{Ha}. Cada elemento de este conjunto tiene la estructura de una tupla donde cada elemento de la tupla representa la estructura de un cromosoma homólogo sencillo en términos de los nucleótidos que contiene.

La función ζ representa la noción de replicación del ADN en el nivel bioquímico teórico que ocurre antes de la división celular. Durante este proceso de una estructura ADND_i se forman dos estructuras idénticas representadas por elementos que poseen la misma caracterización. Estas estructuras representan las caracterizaciones de los dos núcleos diploides que se forman.

La caracterización del proceso de replicación⁴⁰ del ADN se puede lograr con un modelo descrito por una tupla de ocho elementos: R_{In}, R_{EI}, R_{Te}, DR_{In}, DR_{EI}, DR_{Ee}, FD_{Re} y FT_{Re}. Se puede definir un conjunto Fase_{Re} constituido por las fases de la replicación R_{In}, R_{El} y R_{te}, y otro conjunto Desc_{Re} constituido por las descripciones de cada una de las fases de la replicación DR_{In}, DR_{EI} y DR_{Te}. El proceso completo se ve

⁴⁰ La reconstrucción considera el proceso de replicación en procariontes por estar mejor caracterizado que dicho proceso en eucariontes.

como una secuencia de fases donde la caracterización de cada fase se lleva a cabo mediante una función de descripción F_{DRe} y el cambio de una fase a la siguiente se logra mediante una función de transición F_{TRe} .

El proceso de replicación se considera constituido de tres fases: la fase de iniciación R_{In} , la fase de elongación REl y la fase de terminación R_{Te} . Así el proceso de replicación queda especificado de la siguiente manera:

$F_{DRe}(R_{In})$ = El punto de inicio de la replicación se conoce como *ori C*, caracterizado por contener cuatro secuencias de nueve pares de nucleótidos conteniendo cada una la siguiente secuencia de bases: TTATCCACA. Esta secuencia está precedida al extremo por tres segmentos consecutivos de 13 nucleótidos conteniendo la siguiente secuencia de bases: GATCTNTTNTTTT. Un complejo de entre veinte a cuarenta proteínas *DnaA* se unen a las cuatro secuencias de nueve bases haciendo que el ADN se enrolle en círculo alrededor de ellas en el lugar de las secuencias. Luego la proteína *DnaA* ayudada por una proteína parecida a las histonas llamada *HU* desnatura el ADN en la región de los segmentos de 13 nucleótidos donde existe abundancia de enlaces A-T, fáciles de separar por consistir de sólo dos puentes de hidrógeno. Al cabo de esto la proteína *DnaC* ayuda a que la proteína helicasa *DnaB* se asocie al ADN para que ésta desenrolle y abra las cadenas del ADN creando dos puntos potenciales de replicación en direcciones opuestas, uno para cada hebra.

$F_{TRe}(R_{In}) = REl$

$F_{DRe}(REl)$ = El proceso de elongación se da simultáneamente en cada hebra aunque de manera diferente. Un complejo de proteínas *SSB* (single strand binding protein) se asocia en la región de cada hebra donde la *DnaB* realizó la separación para evitar la renaturalización del ADN. A medida que se van separando las cadenas para la continuación de la replicación, alrededor del punto de separación actúan las girasas topoisomerasa I y topoisomerasa II para liberar la tensión provocada por la separación de las cadenas. La topoisomerasa I realiza un corte en una hebra para que el ADN se desenrolle. La topoisomerasa II vuelve a unir la hebra en el punto donde se cortó. En la hebra líder la proteína primasa *DnaG* sintetiza un pequeño cebador para que la DNA polimerasa III continúe añadiendo los nucleótidos. Una proteína

abrazadera capaz de deslizarse a lo largo de la hebra se asocia a la DNA polimerasa III y esto permite que vaya añadiendo los nucleótidos necesarios para la replicación a medida que se van deslizando. En la hebra retardada un complejo de siete proteínas que incluye a DnaB, DnaC y DnaG llamado primosoma se mueve en la dirección $5' \rightarrow 3'$. Mientras el primosoma se mueve la primasa DnaG sintetiza un cebador de entre diez a sesenta nucleótidos para que la DNA polimerasa III continúe con la síntesis de un fragmento de Okasaki. La dirección de movimiento del primosoma es opuesta a la de la DNA polimerasa III de manera que esta última sintetiza la nueva hebra en la dirección $5' \rightarrow 3'$. La DNA polimerasa III sintetiza cada fragmento de Okasaki desde el cebador sintetizado por la primasa hasta el cebador del anterior fragmento de Okasaki ya sintetizado anteriormente. Para unir los fragmentos de Okasaki sintetizados por separado la DNA polimerasa I remueve los cebadores y los sustituye por nucleótidos de ADN. Finalmente la DNA ligasa se encarga de unir los fragmentos de ADN. Luego de que se unen los fragmentos la proteína priA se encarga de remover las proteínas SSB que se habían asociado para evitar la renaturalización del ADN.

$$F\text{Re}(\text{REI}) = \text{RTe}$$

$F\text{DRe}(\text{RTe}) =$ No se conoce mucho acerca del proceso de terminación. Se sospecha de una polimerasa IV que se encarga de esta fase.

La función ψ representa la noción de gametogénesis en el nivel TBH teórico. Caracteriza el proceso de meiosis en términos de las estructuras de ADN que participan. De estructuras que representan parejas de moléculas de ADN ADNDi se pasa a estructuras que representan moléculas de ADN sencillas ADNH_a . Para construir el segundo conjunto a partir del primero se deben tomar las proyecciones sobre cada una de las estructuras que representan parejas de ADN de la población de ADNDi y luego tomar el producto cartesiano de dichas proyecciones.

La función ϕ representa la noción de fecundación a nivel TBH teórico. Expresa la unión entre el contenido de estructuras que provee el gameto macho y el contenido de estructuras que provee el gameto hembra. Para obtener la estructura ADNDi que corresponde al nuevo individuo se toman las proyecciones sobre cada una de las estructuras que corresponden a los diferentes tipos de moléculas de ADN en ADNH_a y luego se toma

el producto cartesiano del conjunto que se asocia con el gameto macho con el conjunto que se asocia con el gameto hembra.

La parte de la bioquímica que es pertinente al problema de la acción de los genes TBHG entra en juego para resolver el problema del mecanismo de acción de los genes que se suponen constituidos de secuencias de parejas de nucleótidos. Para esto introduce el concepto de 'triplete'.

La reconstrucción conjuntista que presento establece que un modelo de TBHG está descrito por una tupla que añade a lo que aporta TBHT ocho elementos primitivos: Ψ (función de contenido de información genética codificada en tripletes), υ (función que asigna a un cierto tipo de ARNB una función como ARN heterogéneo nuclear), Θ (función de transcripción), Γ (función que asigna a un cierto tipo de ARNB una función como ARN mensajero), Ω (función de maduración del ARN), Λ (función que asigna a un cierto tipo de ARNB una función como ARN ribosomal), Ξ (función que asigna a un cierto tipo de ARNB una función como ARN de transferencia) y Π (función de traducción).

Sobre el conjunto de tripletes Tri se puede introducir una partición donde cada clase de equivalencia representa al conjunto de los tripletes que se encuentran en el ADN TriA y los que se encuentran en el ARN TriR . La primera clase de equivalencia la podemos construir con el cubo del conjunto de nucleótidos NADN y la segunda clase de equivalencia la podemos construir con el cubo del conjunto de nucleótidos NARN .

El ADN en TBHG es considerado como un conjunto de secuencias de parejas de tripletes complementarios. La estructura que le asigna TBHG al ADN de un individuo ADNG es la de una tupla donde cada elemento representa una molécula de ADN del individuo estructurada a base de tripletes. Los elementos de esta tupla tienen a su vez estructura de una tupla donde cada elemento de esta tupla representan parejas de tripletes complementarios. Para obtener el conjunto ADNG se toma el producto cartesiano de TriA consigo mismo y se proyecta sobre las parejas de tripletes que son complementarios, luego se toma el producto cartesiano de este resultado por el número de nucleótidos que contenga la molécula de ADN y, finalmente se toma el producto cartesiano sobre el número de moléculas de ADN de la población. La función Ψ representa la noción de organización del ADN en términos de tripletes de manera que le asigna a cada estructura que representa el

contenido de ADN de un individuo en términos de nucleótidos de ADN una estructura de ADN en términos de tripletes de ADN.

Sobre el conjunto de ARN a nivel TBH teórico ARNG se puede introducir una partición donde cada clase de equivalencia representa un conjunto de moléculas de ARN que se encargan de una cierta función de la especie. Las funciones que se reconocen al ARN son la de transcrito primario, la de mensajero, la de estructura ribosomal donde se sintetizan las proteínas o la de portador de aminoácido que se incorpora a una secuencia peptídica. Un punto en el conjunto $ARNG_i$ representa el contenido de ARN que posee un individuo y su estructura es la de una tupla que contiene como elementos a todos los diferentes tipos de estructuras de ARN que posee un individuo. Estas se pueden representar a su vez por tuplas donde cada elemento de la tupla es un triplete de ARN.

TBH le asigna al ARN heterogéneo nuclear ARNh una estructura de una tupla cuyos elementos representan diferentes moléculas de ARN heterogéneo nuclear. La estructura de cada uno de estos elementos es la de una tupla cuyos elementos son tripletes de ARN. La función ν le asigna a un cierto ARN con una cierta estructura en términos de nucleótidos de ARN una función y una estructura a base de tripletes de ARN representada por la clase de equivalencia ARNh. Cada molécula de ARN heterogéneo nuclear está constituida de una secuencia de tripletes que codifican alguna información útil (exones) alternadas con secuencias que no codifican para nada (intrones). La estructura de cada molécula de ARN heterogéneo nuclear se puede representar como una tupla donde el primer elemento representa un intrón seguido por una secuencia de exones e intrones determinada para cada molécula de ADN hasta finalizar la secuencia con un intrón. El ARN heterogéneo nuclear contiene la secuencia de bases nitrogenadas complementarias al segmento de ADN del cual se genera con excepción de la presencia del nucleótido de uracilo en el ARN que sustituye al nucleótido de timina en el ADN. La función Θ representa la noción de transcripción mediante la cual se generan moléculas de ARN heterogéneo nuclear a partir de moléculas de ADN. La función ν le asigna a un cierto ARN que tiene una cierta estructura en términos de nucleótidos un estructura y función de transcrito primario.

La caracterización del proceso de transcripción⁴¹ del ADN se puede lograr con un modelo descrito por una tupla de ocho elementos: TIn, TII, TTe, DTIn, DTII, DTIe, FDTr y FTTr. Se puede definir un conjunto FaseTr constituido por las fases de la transcripción TIn, TEI y TTe, y otro conjunto DescTr constituido por las descripciones de cada una de las fases de la transcripción DTIn, DTEI y DTTe. El proceso completo se ve como una secuencia de fases donde la caracterización de cada fase se lleva a cabo mediante una función de descripción FDTr y el cambio de una fase a la siguiente se logra mediante una función de transición FTTr.

El proceso de transcripción se considera constituido de tres fases: la fase de iniciación TIn, la fase de elongación TEI y la fase de terminación TTe. Así el proceso de replicación queda especificado de la siguiente manera:

FDTr(TIn) = La selección de las secciones de ADN que contienen los genes a expresarse se logra mediante el reconocimiento por parte de la proteína RNA polimerasa de secuencias específicas llamadas regiones promotoras. Si asignamos el número 1 a la posición que ocupa la primera pareja de nucleótidos del gen en la dirección $5' \rightarrow 3'$ las posiciones que ocupan las regiones promotoras son -10 y -35 . La primera secuencia de nucleótidos contiene las bases TATAAT y la segunda contiene las bases TTGACA. La subunidad σ de la RNA polimerasa reconoce la secuencia localizada en la posición -35 y la RNA polimerasa se asocia en esa posición para formar el complejo cerrado. Luego se mueve la polimerasa a la posición -10 y se forma el complejo abierto al abrirse las cadenas para dar inicio a la síntesis de ARN heterogéneo nuclear a partir de la cadena molde. Una vez la RNA polimerasa se mueve más allá de la posición -10 la subunidad σ es liberada. Existen diferentes tipos de subunidades que son capaces de actuar para responder a las diferentes condiciones a las que es expuesta la célula.

FTTr(TIn) = TEI

FDTr(TEI) = La RNA polimerasa continúa con la síntesis de ARN en la dirección $5' \rightarrow 3'$ hasta que encuentra un segmento que active su separación del ADN.

FTTr(TEI) = TTe

⁴¹ Se reconstruye el proceso de transcripción en procariontes por estar mejor caracterizado que dicho proceso en eucariontes.

$FDT_r(TTe)$ = Hay dos tipos de terminación del proceso, una de ellas es dependiente de una proteína llamada factor ρ y la otra es independiente de la misma. En la segunda una secuencia de nucleótidos complementarios es sintetizada en la cadena que permite la formación de un lazo en la cadena a una separación de quince a veinte nucleótidos del extremo. Además, una secuencia de adenilatos en el molde se transcriben como uridilatos al final de la cadena de ARN. La formación del lazo interrumpe la asociación entre ADN y ARN. La secuencia que sigue de nucleótidos complementarios de doble puente de hidrógeno ($A = U$) resulta muy inestable y esto causa que el ARN se separe. En el caso de la terminación dependiente de ρ no se forma la secuencia de nucleótidos complementarios de doble puente de hidrógeno pero sí se sintetizan las secuencias que permiten la formación de lazos. La RNA polimerasa se detiene en estos sitios y se disocia si está presente el factor ρ .

La función Ω representa la noción de maduración del ARN mediante la cual se remueven los intrones del ARN heterogéneo nuclear para formar el ARN mensajero. La estructura de una molécula de ARN mensajero ARN_m se puede representar mediante una tupla donde los elementos de la tupla son los exones del ARN heterogéneo nuclear del cual se originó. La función Γ le asigna a un cierto ARN con una cierta estructura en términos de nucleótidos de ARN una estructura y función de ARN mensajero.

La caracterización del proceso de maduración del ARN se puede lograr con un modelo descrito por una tupla de ocho elementos: $Ma_1, Ma_2, Ma_3, DMA_1, DMA_2, DMA_3, FDMa, FTMa$. Se puede definir un conjunto $FaseMa$ constituido por las fases de la maduración Ma_1, Ma_2 y Ma_3 , y otro conjunto $DescMa$ constituido por las descripciones de cada una de las fases de la maduración DMA_1, DMA_2 y DMA_3 . El proceso completo se ve como una secuencia de fases donde la caracterización de cada fase se lleva a cabo mediante una función de descripción $FDMa$ y el cambio de una fase a la siguiente se logra mediante una función de transición $FTMa$. Así el proceso de maduración queda especificado de la siguiente manera:

$FDMa(Ma_1)$ = Pequeñas secuencias de ARN unidas a proteínas, los RNAsn (small nuclear ribonucleoproteins) denominados U_1, U_2, \dots, U_{12} se asocian al ARN_{hn} en sitios de corte entre exones e intrones reconociendo secuencias particulares. U_1 y U_2 se colocan en los extremos de un intrón en los extremos 5' y 3' respectivamente.

FTMa(Ma1) = Ma2

FDMa(Ma2) = Luego se asocian las demás ribonucleoproteínas formando un complejo de proteínas denominado en inglés 'spliceosome'. En el lugar donde se asoció U2 un adenilato se asocia con un OH⁻ que queda al extremo 5' del intrón formando una estructura en forma de lazo.

FTMa(Ma2) = Ma3

FDMa(Ma3) = Luego se remueve el lazo y se unen los exones.

El ARN ribosomal es el ARN que se encuentra localizado en el ribosoma y su función es fundamental en el proceso de síntesis de proteínas. El ribosoma está constituido de proteínas y ARN ribosomal. La traducción se lleva a cabo en los ribosomas. El ARN ribosomal de un individuo tiene estructura de una tupla donde cada elemento de la tupla representa algún tipo de ARN ribosomal. Estos elementos a su vez se pueden representar como tuplas cuyos elementos representan secuencias de tripletes de ARN. La función Λ le asigna a un cierto ARN con una cierta estructura en términos de nucleótidos de ARN una función y una estructura en términos de tripletes de ARN.

El ARN de transferencia es el tipo de ARN que tiene la función de suplir los aminoácidos necesarios para la síntesis de proteínas durante el proceso de traducción. La estructura de ARN_t es la de una tupla donde cada elemento de la tupla representa un ARN de transferencia del individuo. La estructura de cada uno de estos ARN de transferencia ARN_{t_i} consta de dos elementos: una secuencia de nucleótidos de ARN que muestran complementareidad en algunas secciones y un aminoácido. Esta estructura se puede representar como una tupla donde el primer elemento representa una secuencia de nucleótidos que son complementarios a los nucleótidos representados por el onceavo elemento, el segundo elemento representa una serie de nucleótidos que son complementarios a los nucleótidos representados por el cuarto elemento, el quinto elemento representa una serie de nucleótidos que son complementarios a los nucleótidos representados por el séptimo elemento, el octavo elemento representa una serie de nucleótidos que son complementarios a los nucleótidos representados por el décimo elemento. Los elementos número tres, seis y nueve de la tupla representan secuencias de nucleótidos de ARN no complementarios, el sexto elemento representa el anticodón que se aparea a la sección de ARN mensajero que contiene el codón de información para el

aminoácido. El doceavo elemento que representa alguno de los aminoácidos aa_i . La función Ξ le asigna a un cierto ARN con una cierta estructura en términos de nucleótidos de ARN la función de portador de aminoácidos para la síntesis de proteínas y una estructura en términos de tripletes de ARN.

La función Π representa la noción de proceso de traducción mediante el cual la información llevada por el ARN mensajero al ribosoma es utilizada para sintetizar alguna proteína en particular. La caracterización del proceso de traducción se puede lograr con un modelo descrito por una tupla de ocho elementos: TrIn, TrEl, TrTe, DTrIn, DTrEl, DTrTe, FDTra y FTTra. Se puede definir un conjunto FaseTra constituido por las fases de la traducción TrIn, TrEl y TrTe, y otro conjunto DescTra constituido por las descripciones de cada una de las fases de la traducción DTrIn, DTrEl y DTrTe. El proceso completo se ve como una secuencia de fases donde la caracterización de cada fase se lleva a cabo mediante una función de descripción FDTra y el cambio de una fase a la siguiente se logra mediante una función de transición FTTra.

El proceso de transcripción se considera constituido de tres fases: la fase de iniciación TIn, la fase de elongación TEI y la fase de terminación TTe. Así el proceso de replicación queda especificado de la siguiente manera:

$FDTra(TrIn)$ = La subunidad 30s del ribosoma se asocia al factor de iniciación 3 (IF3) evitando que la subunidad 50s se asocie prematuramente. Tanto la subunidad 30s como la subunidad 50s tienen dos sitios específicos de asociación al ARN mensajero: el sitio aminoacil o sitio A y el sitio peptidil o sitio P. El sitio P de la subunidad 30s se alinea con el triplete de inicio AUG. Luego se asocian al complejo el factor de iniciación 2 (IF2) y una molécula de ARN de transferencia que porta el aminoácido fMet (f-metionina). Esta última se asocia al ARN mensajero en el lugar que ocupa el triplete de inicio ya que contiene el triplete complementario UAC. Entonces la subunidad 50s se asocia con el complejo formado y una molécula de GTP (guanosina trifosfatada) que es suministrada por IF2 se hidroliza a GDP (guanosina difosfatada) y P_i y son liberados estos dos últimos y los factores de iniciación IF2 e IF3. Al complejo final se le llama complejo de iniciación 70s.

$FTTra(TrIn) = TrEl$

FDTra(TrEl) = El aminoacil RNAt que contiene el triplete complementario al siguiente triplete en la cadena del ARN mensajero se asocia al complejo compuesto por el factor de elongación Tu (EF-Tu) y una molécula de GTP. Este complejo se asocia al ARN mensajero en el triplete correspondiente al sitio A. El GTP se hidroliza y se libera un complejo constituido por EF-Tu y GDP. Luego se regenera el complejo inicial constituido por EF-Tu y GTP cuando participa el factor de elongación Ts (EF-Ts). Al asociarse el siguiente aminoacil RNAt se forma un enlace peptídico entre los aminoácidos fMet y el siguiente. Esto ocurre mediante una transferencia del grupo N-formilmationil de su RNAt al grupo amino del segundo aminoácido. La subunidad 23s RNAr se encarga de catalizar el proceso. Luego de la formación del enlace peptídico ocurre un proceso de translocación en el cual la subunidad 30s del ribosoma se mueve un triplete en la dirección 3'. La energía para realizar esta translocación sale de la hidrolización de GTP que está asociado al factor de elongación G (EF-G translocasa). La translocación hace que el dipeptidil RNAt pase al sitio P dejando vacante el sitio A para el siguiente ARN de transferencia. El ARN de transferencia que se encontraba en el sitio P se disocia sin su respectivo aminoácido que quedo unido a la cadena. El proceso se repite hasta que se sintetiza el polipéptido codificado. La cadena que se forma siempre está asociada al ARN de transferencia del último aminoácido que se añadió.

FTTra(TrEl) = TrTe

FDTra(TrTe) = El proceso de síntesis termina cuando en el sitio A se alinea uno de los tres tripletes de terminación (UAA, UAG, UGA). En el sitio A se asocia el factor de liberación 1 (RF1) o el factor de liberación 2 (RF2) dependiendo de si el triplete de terminación es UAA, en cuyo caso se asocia RF1, o, UGA o UAA, en cuyo caso se asocia RF2. Entoces se hidroliza el enlace éster entre el polipéptido sintetizado y el ARN de transferencia que lo sujeta desde el sitio P y se libera la cadena sintetizada. Finalmente se liberan el ARN deacilado y el factor de liberación asociado. También el ribosoma se disocia en las subunidades 30s y 50s.

Captulo V: Los “rompecabezas” y la actividad científica

Propósito

En este capítulo se examinará en que sentido y hasta que punto se puede utilizar el concepto de rompecabezas kuhniano en el análisis del desarrollo del conocimiento científico en términos modelo-teóricos. Se discutirán también los planteamientos en torno al concepto de ‘estrato de la realidad’ de Bhaskar para investigar hasta qué punto se adecúan al caso histórico asociado al problema de la genética.

Los rompecabezas kuhnianos

To solve a jigsaw puzzle is not, for example, merely “to make a picture.” Either a child or a contemporary artist could do that by scattering selected pieces, as abstract shapes, upon some neutral ground. The picture thus produced might be far better, and would certainly be more original, than the one from which the puzzle had been made. Nevertheless, such a picture would not be a solution. To achieve that all the pieces must be used, their plain sides must be turned down, and they must be interlocked without forcing until no holes remain (Kuhn, 1970, 38).

Cuando se publicó el libro **The Structure of Scientific Revolutions** en 1962 habían muchos conceptos e ideas que no estaban claros. Muchos de estos conceptos e ideas se fueron aclarando a medida que los filósofos, historiadores y científicos los discutieron. El mismo Kuhn aclaró en diferentes escritos y simposios algunos de sus planteamientos. No cabe duda que la revolución que causó el libro en el campo de la filosofía dió lugar a que se desarrollara la nueva filosofía de la ciencia en la cual se le dio importancia a aspectos nuevos que no se habían considerado antes a la hora de analizar la actividad científica.

Uno de estos aspectos que Kuhn dejó ver es la actividad de la ciencia que llamó ciencia normal. Según Kuhn, la ciencia normal es el tipo de actividad científica que se da en el seno de un paradigma aceptado. Uno de los conceptos asociados a la ciencia normal que discute Kuhn en el capítulo IV, *La ciencia normal como resolución de enigmas*, es el de la actividad de solución de problemas vista como solución de enigmas. Kuhn menciona dos sentidos que interesa darle al término. Uno es el de crucigramas y el otro el de

rompecabezas⁴². Me interesa en particular el concepto de rompecabezas ya que me propongo demostrar cómo dicha idea kuhniana puede utilizarse dentro de un análisis modelo-teórico para investigar qué aspecto del conocimiento de la naturaleza debe ser desarrollado de manera que se pueda dirigir el intento de progreso en la dirección adecuada. Algunos filósofos como Putnam (Putnam, 1974) y Pérez (Pérez, 1999) han discutido y comentado sobre cómo la actividad de solución de problemas, vistos como rompecabezas, ha generado progreso dentro de la actividad de la ciencia normal. Sin embargo, ellos desarrollan la idea dentro de un contexto de análisis sintáctico-teórico, esto es, dentro de un análisis en el cual se ven las teorías como conjuntos de enunciados. En este trabajo se estudiará el concepto de rompecabezas enmarcado en un contexto modelo-teórico.

Los niveles de la realidad y el descubrimiento científico según Bhaskar

En esta sección me propongo a discutir los planteamientos de Bhaskar en torno al concepto de ‘estratos de la realidad’ para examinar hasta qué punto se adecúan al caso histórico del desarrollo de la genética.

En su libro **A Realist Theory of Science**, Bhaskar al hablar de las leyes, plantea, haciendo referencia a Bunge, que en términos epistemológicos la descripción del mundo no está completa, debido a que las leyes que rigen en diferentes niveles, o estratos como él las llama, no se conocen en su totalidad⁴³. Según él la estratificación de las explicaciones que ofrecen las diferentes disciplinas científicas obliga al realista a suponer la existencia de los diferentes estratos de la realidad. Sin esta suposición la historia de la ciencia sería tan sólo un accidente y la práctica científica sería irracional⁴⁴. Lo interesante del planteamiento de

⁴² “The terms ‘puzzle’ and ‘puzzle solver’ highlight several of the themes that have become increasingly prominent in the preceding pages. Puzzles are, in the entirely standard meaning here employed, that special category of problems that can serve to test ingenuity or skill in solution. Dictionary illustrations are ‘jigsaw puzzle’ and ‘crossword puzzle’, and it is the characteristics that these share with the problems of normal science that we now need to isolate” (Kuhn, 1970, 36).

⁴³ “... the world is a world of agents incompletely described. Laws neither undifferentially describe nor uniquely describe the phenomena of our world. And this is accounted by the fact that it is an incompletely described world of agents which are constituted at different levels of complexity and organization” (Bhaskar, 1978, 114).

⁴⁴ “Now for the transcendental realist the stratification this form of explanation imposes upon our knowledge reflects a real stratification in the world. Without the concept of real strata apart from our knowledge of strata we could not make sense of what the scientist, striving to move from knowledge of one stratum to knowledge of the next, is trying to do: viz. to discover the reasons why the individuals he has identified (at a particular level of reality) and whose behaviour he has described tend to behave the way they do. Without this concept the stratification of science must appear as a kind of historical accident, lacking any internal rationale in the

Bhaskar es que va a asociar el desarrollo histórico del conocimiento con el concepto de los diferentes estratos de la realidad. El desarrollo cronológico del conocimiento de los estratos, según él, es en cierta medida opuesto a la manera en que los estratos dependen unos de otros para su existencia y no se vislumbra que pueda existir un límite en cuanto a un estrato final en alguna de las dos direcciones⁴⁵. Abundando sobre este asunto plantea la norma metodológica-epistémica que consiste en descubrir los mecanismos responsables que determinan el desarrollo de los hechos en algún estrato o nivel de la realidad luego de que se conoce la descripción en ese mismo nivel de la realidad⁴⁶. El buscar esas entidades y mecanismos que dan cuenta de los hechos en cierto nivel de la realidad puede trascender el nivel específico que se esté considerando. En principio la estratificación del mundo no tiene frontera o fin aunque en la práctica ciertas limitaciones de tipo técnico, conceptual o de alguna otra índole pueden hacer parecer que existe un límite donde no lo hay. Por otro lado, si se ha llegado a un límite no hay manera de saberlo⁴⁷. Bhaskar menciona que hay dos fases fundamentales de la actividad científica: la de descubrimiento o cambio y la de aplicación advirtiendo que prefiere usar dichos términos a los términos kuhnianos de ‘revolucionario’ y ‘normal’. La primera puede consistir en una de dos: en la producción del conocimiento en un nuevo estrato o en la modificación radical del conocimiento en la estrato en que se trabaja. La segunda consiste en la aplicación del conocimiento adquirido en la primera fase⁴⁸.

practice of science” (Bhaskar, 1978, 170).

⁴⁵ “It should be noted that historical order of the development of our knowledge of strata is opposite to the causal order of their dependence in being. No end to this process of the successive discovery and description of new and ever deeper, and explanatory more basic, strata can be envisaged” (Bhaskar, 1978, 169).

⁴⁶ “When a stratum of reality has been adequately described the next step consists in the discovery of the mechanisms responsible for the behaviour at that level. The key move in this involves the postulation of hypothetical entities and mechanisms, whose reality can be ascertained. Such entities need not be smaller in size, though in physics and chemistry this has normally proved to be the case” (Bhaskar, 1978, 169).

⁴⁷ “Now the stratification of the world must be assumed by the scientist, working in any field, to be in principle unbounded. For it will always be possible for him that there are reasons, located at a deeper level, for the phenomena he has hitherto identified and described. But this knowledge may be in practice bounded by semi-permanent technical or conceptual problems or by the domain assumptions of his particular science; or by the fact that reality is itself bounded at the level of knowledge of which he has attained. However, if the stratification of the world has an end, i.e. if there are ‘entities’ which are truly ultimate- and I can see no reason for supposing this must be so- and the scientist has achieved knowledge at that level, he can never know *that* the level is ultimate. For it will still remain possible for him that there are reasons, located at a still deeper level, for the causes of the phenomena he has succeeded in identifying and describing” (Bhaskar, 1978, 171).

⁴⁸ “Scientific activity is itself differentiated into periods or better ‘phases’ (so as not to identify them with chronological time): viz. into (a) phases of discovery and/or change and (b) phases of application. I use these characterizations in preference to the emotive and somewhat misleading terms ‘revolutionary’ and ‘normal’.

En cada estrato los científicos intentan identificar las entidades responsables de lo que sucede en el estrato menos fundamental (la que Bhaskar llama el punto de partida) y describir su comportamiento n6rmico. Es importante, sin embargo, advertir que el conocimiento acerca de nuevos estratos no disuelve o elimina el conocimiento de los viejos estratos, aunque en ocasiones puede modificarlo para corregirlo.

El caso de la gen6tica

La gen6tica es un ejemplo de una ciencia que se ha desarrollado considerando diferentes niveles o estratos de la realidad. Al principio se desarroll6 en el nivel de los organismos, 6sto es, trataba acerca de las plantas superiores y los animales multicelulares. Sobre este nivel se desarroll6 el nivel de las poblaciones compuestas de individuos capaces de reproducirse. Por debajo del nivel de los organismos o individuos se desarroll6 el nivel celular. Finalmente, por debajo de este nivel celular se desarroll6 el nivel molecular. La gen6tica comenz6 su desarrollo en lo que podemos llamar el nivel intermedio de los organismos o individuos y despu6s se movi6 al nivel superior de la gen6tica de poblaciones, y a los niveles inferiores de la citolog6a y la biolog6a molecular⁴⁹. Cabe aclarar que las soluciones dadas son diferentes y que a medida que se avanz6 al profundizar en niveles m6s b6sicos se logr6 una comprensi6n mayor de lo que ocurre durante el proceso de transmisi6n hereditaria. En resumen, el estudio de la gen6tica procedi6 hacia diferentes niveles, y es importante observar que para lograr el desarrollo el planteamiento de preguntas apropiadas y la adecuaci6n de los m6todos de investigaci6n dentro de un cierto nivel son fundamentales y necesarios.

(a) consists in the production of the knowledge of a new stratum or level and/or the radical revision of knowledge at the current one. This is often preceded by the hint or glimpse of a new level or by a crisis induced by the proliferation of anomalous facts of a particular disturbing kind. ... (b) consists in the application of the discovery and/or change to account for (and perhaps correct) currently established facts and generate new ones" (Bhaskar, 1978, 192).

⁴⁹ En cierto sentido, tal como plantea Dunn, el problema de la transmisi6n hereditaria ha sido resuelto tres veces: "once by the statistical gene, once by the proof of the beads-on-a-string theory, and now by the proof that the genetic material consists of a linear sequence of base pairs, the order in which these are arrayed in a polynucleotide corresponding to a specific instruction for the incorporation of an amino acid into a part of a polypeptide chain of a protein" (Dunn, 1991, 224).

Modelos, ejemplos y diagramas y los niveles de la realidad

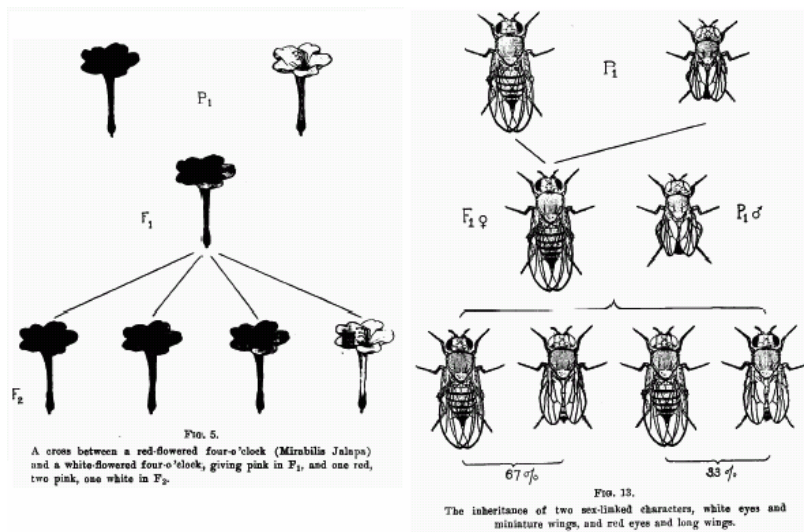


Figura 9- Diagramas del libro *Theory of the Gene* de Morgan

La biología, y en especial la genética, se caracterizan por ser disciplinas en las que muy pocas veces los científicos plantean explícitamente en enunciados sus teorías o definen explícitamente los conceptos teóricos que utilizan. En estos

casos los ejemplos y diagramas sirven como ejemplares (ejemplos concretos que juegan el papel de casos modelo) en los cuales se ilustra la manera en que la teoría trabaja. Estos ejemplos paradigmáticos son los que Kuhn menciona en **La estructura de las revoluciones científicas** y son los modelos que en principio pueden ser aplicados a casos similares, no necesariamente idénticos. Se espera que la teoría sea capaz de ajustarse con dichos modelos a la realidad. En el caso de la genética, los ejemplos y diagramas que ilustraban el papel de los genes sirvió como ejemplar para la explicación de los datos acerca de la hibridación. Por ejemplo, los diagramas de segregación, recombinación, genes ligados y sobrecruzamiento en la teoría de Morgan constituían el repertorio explicativo de la teoría del gen. Así mismo se pueden mencionar muchos ejemplos de la manera en que el conocimiento en la ciencia se representa con diagramas, ejemplos y modelos.

Pero además de servir como explicación, los diagramas pueden ser utilizados para averiguar o investigar en que parte del diagrama se necesita algún tipo de desarrollo científico que de lugar a algún tipo de progreso en el campo correspondiente. En el caso de la genética, el progreso consistió en llenar los detalles acerca del proceso mediante el cual las características pasan de padres a hijos y esto en algunas ocasiones requirió que se buscara la respuesta en otro nivel de la realidad. Luego del trabajo de Mendel y durante el transcurso del desarrollo de la genética mendeliana la genética recurrió a la citología para llenar unos huecos en el rompecabezas: específicamente los que localizaban la base física

de la herencia y los que se refieren a la descripción de lo que ocurre en el nivel celular. Sin embargo, aún así la citología no fue suficiente para completar el panorama y fue entonces cuando se reconoció a la genética molecular como la que se encargaría de llenar otros huecos: específicamente los que se encargan de describir la estructura de las moléculas involucradas en los procesos de replicación del ADN, el proceso de transcripción y el proceso de traducción y la manera en que éstos ocurren.

Definición del problema de la herencia

Ya hemos mencionado que el alcance de una teoría es algo que en muchos casos es cuestión de opinión. Sin embargo, en el caso que nos ocupa tomaré como el problema fundamental de la herencia el que intenta investigar la naturaleza del mecanismo mediante el cual los factores responsables de las características pasan de padres a hijos y el mecanismo de acción mediante el cual esos factores actúan para generar las características en los organismos. Aunque para algunos científicos⁵⁰ de la época la determinación de la manera en que los factores actúan era algo que se encontraba fuera del dominio de la ciencia de la herencia, prefiero considerarlo como parte de éste, por la razón de que al final la genética molecular se encargó de resolverlo.

El salto de nivel asociado a THM

El informe de Mendel acerca de sus experimentos con *Pisum* deja ver que la descripción completa del fenómeno que le ocupa debe ser previa a la explicación, al menos en algún sentido. Específicamente Mendel establece de manera estadística las proporciones en que aparecen combinadas las características en la progenie. En su informe, una vez establecida la descripción correcta del fenómeno que le interesa pasa a considerar la manera en que los elementos responsables de las características pertenecientes a los padres se distribuyen y pasan a las células gaméticas para luego durante el proceso de fecundación recombinarse y formar el cigoto que dará lugar a uno de sus hijos. En este caso el salto de nivel se da del nivel fenomenológico al nivel citológico al incorporar en la explicación a las células polen y a las células huevo (células gaméticas) como portadoras de los elementos y

⁵⁰ “To ascribe the direction of development to interactions between material bodies such as genes and material factors of the internal and external environment seemed somehow inadequate and in a sense an undignified way out of a problem of much grander dimensions” (Dunn, 1999, 185).

a la célula que resulta como producto de la fertilización (cigoto) como originaria de un organismo.

Lo descriptivo y lo explicativo

Aunque muchas veces no es fácil trazar la línea divisoria entre lo que es de tipo descriptivo y lo que es de tipo explicativo se pueden reconocer aspectos relacionados a esto que permiten establecer en muchas ocasiones si una pieza de conocimiento es de uno u otro tipo. Además, es importante aclarar que lo que es descriptivo o explicativo es relativo también al marco teórico que se esté considerando. Por ejemplo, la descripción de los procesos biológicos por parte de la bioquímica serían de tipo descriptivo si se les considera dentro de su misma perspectiva, pero desde el punto de vista de la citología serían de tipo explicativo, esto es, están dando cuenta de los procesos descritos por esta. En los análisis de las teorías que se presentan a continuación la determinación del tipo descriptivo o explicativo de una pieza de conocimiento está enmarcado dentro de la teoría que se considere. Además, estableceré una distinción entre lo que es 'explicar' y lo que es 'dar cuenta de'. En el primer caso se alude a un mecanismo de determinación que responde a la pregunta de por qué ocurre el hecho. En el segundo se alude a un mecanismo que aunque en cierta medida aclara el hecho a explicar, no responde a la pregunta de por qué.

Los huecos asociados a THM

Observando el diagrama de la figura 1, y teniendo en cuenta el problema de la herencia ya establecido, podemos notar cuáles son los huecos asociados a THM. Comenzando con la base de contrastación o parte THM no teórica:

- 1) Con relación a la función δ se debe investigar acerca de la producción de las células polen y células huevo (en el nivel descriptivo y en el nivel explicativo).
- 2) Con relación a la función γ se debe averiguar la estructura de las células Ce en términos de la manera en que están constituidas y organizadas, y la descripción y la explicación del proceso de fecundación y formación del cigoto.
- 3) Con relación a la función ϵ se debe lograr la descripción y la explicación del proceso de desarrollo ontogénico de un organismo a partir del cigoto.

Con respecto a la parte THM teórica los huecos asociados a la teoría son los siguientes:

- 1) Con relación a la función η se debe investigar en qué parte de la célula gamética se encuentra localizada la estructura de elementos que le asocia la teoría.
- 2) Con relación a la función Ψ se debe lograr la descripción y la explicación de la fusión de los elementos que aportan las células gaméticas de los padres.
- 3) Con relación a la función σ se debe investigar acerca de la naturaleza de los elementos, en específico qué son (en nivel descriptivo) y la manera en que actúan para producir las características (en el nivel descriptivo y en el nivel explicativo).

Se debe notar que entre los huecos dejados por THM hay de tipo descriptivo y de tipo explicativo. El hecho de que THM contiene muchos huecos de tipo explicativo es cónsono con la idea de que estamos considerando las etapas tempranas de la disciplina donde falta mucho por describir para luego intentar explicar. Muchos de estos huecos que existían en THM fueron llenados por la citología, en especial los huecos descriptivos. Otros huecos los llenó el mendelismo.

La transición de THM a TMH

La transición de THM a TMH es una caracterizada más bien por aclarar conceptos relacionados a los genes y sus propiedades. TMH no representa un salto de nivel con respecto a THM, se sigue trabajando fundamentalmente con el mismo modelo que tiene su base ontológica en ciertos factores causantes de las características que se encuentran en las células gaméticas, y además las leyes en torno a estos factores son fundamentalmente las mismas. TMH tan sólo es una modificación de algunos aspectos del modelo de THM. De hecho, muchos de los huecos asociados a THM, los que se encuentran en el nivel THM no teórico, fueron llenados por la citología. La estructura de una célula gamética en términos de las partes que la constituyen, la descripción del proceso de fecundación y formación del cigoto y la descripción del proceso de desarrollo ontogénico de un organismo a partir del cigoto, todos fueron huecos de tipo descriptivo que llenó la citología.

En el nivel THM teórico los huecos permanecieron en gran medida porque TMH⁵¹ nunca asoció una naturaleza material al gen. Hubo que esperar a que Morgan y sus colegas

⁵¹ La mayor parte de los biólogos de la época, con excepción de algunos (por ejemplo, DeVries y Correns), no

hicieran su aportación a la genética para que se reconociera la base física de la herencia en los cromosomas y se lograran llenar los huecos asociados a la parte THM teórica.

En términos de evolución, TMH logró que se aclararan algunos de los conceptos introducidos por THM, en especial el concepto de factor responsable de la característica, y además introdujo una serie de nuevos conceptos que fueron fundamentales para que más tarde se reconociera un paralelismo entre el conocimiento de la citología en torno a los cromosomas y el de la genética mendeliana en torno a los genes. Fue fundamental aclarar conceptos como los de 'genotipo', 'pareja de genes alelomorfos', 'homocigoto' y 'heterocigoto' para lograr llenar los huecos de la parte THM teórica. TMH además añadió a THM conceptos como 'genes ligados' y 'grupos de genes' que son causa de 'grupos de características'. En TMH la ley de recombinación considera grupos de genes que se transmiten de manera ligada y además la determinación de las características se da a través de grupos que son producto de grupos de genes. TMH tuvo que aclarar en alguna medida el concepto de 'gen' y lograr la caracterización o descripción de la manera en que se organizan y trabajan los genes para que se pudiera trazar un paralelismo entre el mendelismo y la citología y de esta manera pudiera avanzar la teoría cromosómica. Esta es la contribución fundamental de TMH al problema de la herencia.

Los huecos asociados a TMH

Los huecos que presenta TMH en el nivel de su parte no teórica en el nivel descriptivo fueron llenados por la citología. Se mantienen los huecos en el nivel explicativos. Estos son:

- 1) Con relación al ciclo de vida de un organismo, se debe lograr la explicación del proceso de fecundación y formación del cigoto representado por la función ϕ .
- 2) Con relación al ciclo de vida de un organismo, se debe lograr la explicación del desarrollo ontogénico de un organismo a partir del cigoto representado por el cono de desarrollo de un individuo. Esto incluye la explicación de los procesos de mitosis y meiosis.

En el nivel de la parte TMH teórica se mantienen los siguientes huecos:

establecieron claramente la diferencia entre el concepto de 'caracter' y el de 'factor'.

- 1) Con relación a la función ϵ todavía es necesario averiguar en que parte de la célula gamética se encuentra la estructura de alelos que le asigna la teoría.
- 2) Con relación a la función δ se debe averiguar en que parte de la célula somática que da origen a los gametos se encuentra la estructura de parejas de alelos que le asigna la teoría.
- 3) Con relación a la función Ψ se debe lograr la descripción y la explicación de la fusión de los elementos que aportan las células gaméticas de los padres.
- 4) Con relación a la función σ se debe investigar acerca de la naturaleza de los genes, en específico qué son (en el nivel descriptivo) y la manera en que actúan para producir las características (en el nivel descriptivo y en el nivel explicativo).
- 5) Con relación a la estructuración de los genes ligados se debe investigar la naturaleza de esa ligadura (en el nivel descriptivo y en el nivel explicativo).

La transición de TMH a TCH

Aunque no se puede demostrar por ser una cuestión de opinión, el salto de TMH a TCH podría considerarse como un salto de nivel en términos ontológicos ya que se pasa del nivel de la célula al nivel del cromosoma. A pesar de que mucha de la estructura se mantiene, las entidades cambian al pasar de TMH a TCH. TCH puede verse como una fusión entre la genética mendeliana y la citología. Darden llama a este tipo de teoría 'teoría entrecampos'. En este trabajo las llamaré teorías interdisciplinarias. En términos epistemológicos se pasa del nivel puramente mendeliano de los genes, entidades cuya existencia física no era asegurada por TMH, al nivel mendeliano-citológico de los genes en los cromosomas. Se postula que los genes se encuentran arreglados linealmente a lo largo de los cromosomas. Al incorporar la citología en el estudio de la genética fue posible atar cabos entre los procesos celulares observados y descritos por dicha disciplina y el conocimiento acerca la genética descrito por el mendelismo.

TCH logró llenar algunos de los huecos que TMH había dejado sin llenar, sin embargo, no logró llenar los huecos que se mantenían en el nivel TMH no teórico. En cierta medida esto tuvo que esperar hasta que la biología molecular se desarrollara y diera cuenta en alguna medida de estos procesos descritos en el nivel citológico. Con respecto a los

huecos de la parte TMH teórica, TCH logró llenar algunos. Localizando los genes en los cromosomas se pudo averiguar la manera en que están estructuradas las células somáticas y las células gaméticas a partir de cromosomas y genes y también dar una explicación al concepto de genes ligados. Planteando el mecanismo de sobrecruzamiento entre cromosomas homólogos TCH también dio cuenta del fenómeno de 'ligadura parcial' que había encontrado el mendelismo. Además se pudo llenar el hueco asociado a la función Ψ en TMH estipulando como se da la fusión de los factores responsables de las características. Por otro lado, localizar a los genes en los cromosomas dio lugar a que se abriera un hueco en la citología. Esto es así ya que la descripción de la mitosis y de la meiosis que hace la citología menciona una fase larga de interfase previa a la duplicación celular en la cual se plantea la hipótesis "los cromosomas ya se han duplicado". Ubicando a los cromosomas dentro del problema de la genética obliga en este caso a investigar la naturaleza de la duplicación de esas entidades que llevan la información hereditaria. Este hueco fue llenado por la bioquímica cuando logra la descripción del proceso de replicación del ADN.

Los huecos asociados a TCH

Los huecos que presenta TCH en el nivel de su parte no teórica en el nivel descriptivo fueron llenados por la citología. Se mantienen los huecos en el nivel explicativo de la parte TCH no teórica. Estos son:

- 1) Con relación al ciclo de vida de un organismo, se debe lograr la explicación del proceso de fecundación y formación del cigoto representado por la función ϕ .
- 2) Con relación al ciclo de vida de un organismo, se debe lograr la explicación del desarrollo ontogénico de un organismo a partir del cigoto representado por el cono de desarrollo de un individuo. Esto incluye la explicación de los procesos de mitosis y meiosis.
- 3) Con relación a los procesos de mitosis y de meiosis descritos por la citología se debe lograr la descripción del proceso de duplicación de los cromosomas.

En el nivel de la parte TCH teórica se mantienen los siguientes huecos:

- 1) Con relación a la función Φ se debe lograr la explicación de la fusión de los cromosomas que aportan las células gaméticas de los padres.

- 2) Con relación a la función σ se debe investigar acerca de la naturaleza de los genes, en específico qué son (en el nivel descriptivo) y la manera en que actúan para producir las características (en el nivel descriptivo y en el nivel explicativo).

La transición de TCH a TBH

Según ya hemos discutido la bioquímica fue una disciplina que se desarrolló de manera paralela a la genética clásica en el sentido de que para su desarrollo ninguna supuso a la otra. El desarrollo de cada una de ellas se dio a base de las ideas y metodologías propias de cada una. En términos de las teorías genéticas TBH supone a TCH en el sentido de que el conocimiento que debe construir acerca de su ámbito de la realidad debe estar de acuerdo con lo que plantea TCH. Esto sería un ejemplo de lo que Diez y Moulines llaman cambio interteórico por incorporación. Así como TCH puede verse como un producto fusionado entre la genética y la citología, TBH puede verse como un producto fusionado entre la genética y la bioquímica. Además, TBH representa un claro salto de nivel de la realidad, se pasa del nivel mendeliano-citológico de los cromosomas al nivel bioquímico de las macromoléculas.

Podemos decir que el hecho de haber especificado la estructura en términos químicos de las macromoléculas que intervienen en los procesos y la descripción de los estos procesos, dio lugar a que se añadieran detalles a las descripciones de casi todos los procesos ya introducidas por otras teorías, en especial la citología. Dichos huecos descriptivos fueron llenados en el nivel de la bioquímica de la herencia. Esto permitió que se llenaran más huecos. De suma importancia resultaron los descubrimientos de la estructura del ADN y la replicación de dicha molécula.

Con respecto a la parte TCH teórica TBH logró llenar algunos de los huecos. Específicamente los que tienen que ver con la naturaleza de los genes y la manera en que actúan. Los huecos que llena TBH son fundamentalmente de tipo descriptivo.

En términos del problema de la herencia TBH logra dar el salto de nivel cuando toma la ruta de caracterizar a las entidades caracterizadas por TCH en términos mendeliano-citológicos en términos químicos. Sin embargo, a pesar de caracterizar dichas entidades en términos químicos de manera correcta la caracterización resulta solamente útil

para llenar el hueco acerca de la constitución de los genes y de cómo se transmiten de padres a hijos. Para lograr llenar el hueco acerca de la manera en que actúan los genes se debió considerar un arreglo de la información genética basado en tripletes en lugar de nucleótidos, la estructura química fundamental del ADN. Así, la estructura genética fundamental pasó a ser el triplete. Aunque posterior a la descripción del proceso de transmisión de los genes, TBH también logró la descripción del proceso mediante el cual los genes actúan.

Los huecos asociados a TBH

Se mantienen los huecos en el nivel explicativo de la parte TBH no teórica. Estos son:

- 1) Con relación al ciclo de vida de un organismo, se debe lograr la explicación del proceso de fecundación y formación del cigoto.
- 2) Con relación al ciclo de vida de un organismo, se debe lograr la explicación del desarrollo ontogénico de un organismo a partir del cigoto. Esto incluye la explicación de los procesos de mitosis y meiosis.

En el nivel de la parte TBH teórica se mantienen los siguientes huecos:

- 1) Con relación a la función ϕ se debe lograr la explicación de la fusión de los genes (vistos como conjuntos de tripletes) que aportan las células gaméticas de los padres.
- 2) Con relación a las funciones Θ , Ω y Π se debe hallar la explicación acerca de la manera en que actúan los genes para producir las características. Esto incluye los procesos de transcripción, maduración y traducción.

Análisis de THM

Relacionado con el planteamiento de Bhaskar podemos notar que en el caso de Mendel la descripción en el nivel fenomenológico fue fundamental para el planteamiento de la parte teórica de THM. Tanto en términos conceptuales (considerando el concepto de ‘rasgo’ o ‘característica’) como en términos empíricos (considerando las proporciones en que aparecían las características en la progenie) fue fundamental la caracterización del nivel fenomenológico. Sin la observación de que una característica individual asociada a una

característica de la especie podía aparecer combinada con otra característica individual asociada a otra característica de la especie hubiera sido difícil concebir la idea de los organismos vistos como un conjunto de características independientes entre sí.

Es importante aclarar en qué sentido y hasta que punto la descripción puede preceder a la explicación. Casi nunca los científicos dejan evidencia acerca de sus episodios de descubrimiento y el caso de Mendel no es la excepción. Se ha mencionado en la literatura que Mendel manipuló sus datos para que se ajustaran a su teoría. Esto podría ser cierto en alguna medida pero aún siendo así resulta difícil pensar que Mendel haya sacado su teoría de lo abstracto para luego notar que se ajustaba a los datos acerca de sus cruces. En alguna medida tenía que tener una base empírica sobre la cual montar su teoría a base de desarrollar las ideas que podía asociarle a lo observado. De acuerdo con el criterio de Bhaskar, el trabajo de Mendel es uno fundamentalmente de descubrimiento.

Análisis de TMH

En general, en la ciencia los procesos de descripción y explicación se dan a la par en el sentido de que se van ajustando a medida que la ciencia avanza. Sin embargo, por norma general es cierto que la descripción precede a la explicación. Con relación al planteamiento de Bhaskar estaré suponiendo que la descripción y la explicación se dan en cierta medida intermitentemente aunque la descripción debe preceder a la explicación en alguna medida.

Al considerar la transición de THM a TMH podemos ver un ejemplo de lo expuesto en el párrafo anterior. Las proporciones obtenidas por Mendel involucraban características que por su naturaleza particular resultaban de esa manera, sin embargo, el mendelismo fue encontrando una variedad diferente de proporciones a medida que avanzaba. Para dar cuenta de esto la teoría se modificaba. De hecho, ya se mencionó cómo TMH tan sólo se encarga de modificar algunos aspectos de THM. No se da un salto de nivel al pasar de THM a TMH. En este sentido la actividad científica asociada a TMH es una fundamentalmente de aplicación, no es una de descubrimiento.

En cuanto a los huecos asociados a THM ya mencionamos cómo fue la citología la que se encargó de llenar gran parte de los huecos descriptivos. De manera que fue la citología y no el mendelismo la que se encargó en esta etapa de la fase de descubrimiento. A la misma vez este proceso de llenar huecos descriptivos dejó abiertos otros huecos

explicativos, muchos de los cuales siguen sin ser llenados hoy. En general, los procesos descritos por la citología y caracterizados en el nivel bioquímico por la bioquímica permanecen en gran medida sin explicar.

Análisis de TCH

La transición de TMH a TCH, en mi opinión, sí involucra un salto de nivel según ya se ha mencionado, aunque es algo sujeto a discusión. Se pasa del nivel puramente mendeliano al nivel mendeliano-citológico. Las estructuraciones de las células somáticas y gaméticas en términos de cromosomas y genes, la explicación al fenómeno de genes ligados postulados por el mendelismo y la descripción de la fecundación en términos de cromosomas que contienen genes fueron huecos que logró llenar TCH recurriendo a una modificación sustancial del mendelismo. Fundamentalmente, la actividad asociada a TCH es una de tipo de descubrimiento de acuerdo con el criterio de Bhaskar.

En cuanto al hueco asociado a TMH acerca de la naturaleza del fenómeno de ligadura de genes, dicha teoría ya tenía suficientemente descrito el fenómeno a través de las proporciones en las que se mostraban las características en la progenie. Incluso se hablaba ya del concepto de ‘ligadura parcial’ para explicar los casos en los que se infería de acuerdo con los datos que la asociación de genes ligados no se mostraba en todos los casos. Estos fenómenos de genes ligados y ligadura parcial fueron explicados por TCH mediante el concepto de ‘sobrecruzamiento’.

En cuanto a las estructuraciones de las células somáticas y gaméticas en términos de cromosomas y genes y la descripción de la fecundación en términos de cromosomas que contienen genes, TCH logró llenar los huecos que en este caso son de tipo descriptivo. La caracterización de los cromosomas que ofreció TCH fue fundamental para que más tarde la bioquímica profundizara en el nivel bioquímico acerca de su constitución. TCH llenó algunos de los huecos que su predecesora TMH había dejado pero a la misma vez dejó otros huecos, algunos de los cuales ya existían y otros que fueron generados por ella.

Análisis de TBH

La transición de TCH a TBH representa un salto del nivel mendeliano-citológico al nivel bioquímico. La bioquímica se encargó de caracterizar muchos de los procesos y las

entidades que participan en los mismos en el nivel macromolecular. Esto representó llenar muchos huecos que habían dejado otras disciplinas, en especial la citología. Otro de los huecos importantes que TBH logró cubrir de la parte TCH no teórica fue la caracterización del proceso de replicación del ADN. También logró cubrir los huecos descriptivos asociados a la caracterización de los genes y la manera en que éstos actúan. Se mantienen sin cubrir en gran medida los huecos explicativos asociados a todos los procesos que TBH ha logrado describir, entre los que se destacan principalmente los procesos de replicación del ADN, transcripción del ADN en ARN y traducción de ARN en proteínas..

La actividad asociada a TBH es fundamentalmente una de tipo de descubrimiento. A pesar de que parte de la contribución de TBH puede verse como una caracterización de procesos que ya se conocían, dichas caracterizaciones se hacen en unos términos no antes utilizados, ésto es, en el nivel de las macromoléculas. La descripción de los procesos es totalmente distinta.

En todo el desarrollo de la genética se puede confirmar la importancia de lograr en alguna medida una descripción de los procesos para luego darse a la tarea de investigar la razón por la cual estos procesos se dan de cierta manera. Es importante notar también que en el caso de este análisis en términos modelo-teóricos del desarrollo de la genética la actividad de llenar huecos al realizar saltos de nivel en ocasiones ha sido una de tipo de descubrimiento. Esto parecería contradecir lo que plantea Kuhn acerca de que la actividad de solución de enigmas en la ciencia está enmarcada dentro de la actividad conocida como 'ciencia normal'. En el caso en que no se realizó el salto de nivel, cuando se pasó de THM a TMH, la actividad de llenar huecos fue una de tipo de aplicación y son quizá estos casos a los que se refiere Kuhn, cuando se trabaja dentro de un paradigma sin realizar saltos de nivel.

Capítulo VI: Análisis de los tipos de determinación presentes en las teorías genéticas

Propósito

En este capítulo se hace un análisis de los tipos de determinación que se plantearon en las teorías genéticas consideradas. Para dicho análisis se utilizó el modelo de análisis de los tipos de determinación de Mario Bunge.

Los tipos de determinación según Bunge

De acuerdo con Bunge algunos de los tipos de determinación que se dan en la ciencia moderna son los siguientes:

- (1) Autodeterminación cuantitativa⁵²- es la categoría de determinación que prevalece en el continuo desarrollo de estados de un sistema que difieren entre sí sólo en sus aspectos cuantitativos. Esta puede surgir de procesos caracterizados por otras categorías de determinación.
- (2) Determinación causal- es particularmente notable cuando los principales cambios se producen por factores externos.
- (3) Interacción- es causación recíproca o interdependencia funcional.
- (4) Determinación mecánica- autodeterminación cuantitativa con adición de causas eficientes y acciones mutuas.
- (5) Determinación estadística- se debe a la acción conjunta de entidades independientes o semiindependientes. Puede emerger de procesos ocurridos en niveles inferiores y en los cuales intervienen a su vez otras categorías de determinación.
- (6) Determinación estructural- de las partes por el todo, aunque, desde luego, el todo no es anterior sino a su vez determinado por las partes.

⁵² Bunge no la considera pero la autodeterminación cualitativa debe incluirse como un tipo de determinación. Es la categoría de determinación que prevalece en el continuo desarrollo de estados de un sistema que difieren entre sí sólo en sus aspectos cualitativos. Este tipo de determinación se presenta mucho en la citología y la bioquímica y me referiré a ella como autodeterminación.

- (7) Determinación teleológica- de los medios por los fines u objetivos. Aunque ciertas estructuras, funciones y conductas estén dirigidas hacia determinadas metas no significa necesariamente que alguien se lo haya propuesto así.
- (8) Determinación dialéctica- de la totalidad del proceso por la “lucha” interna y por la eventual síntesis subsiguiente de sus componentes esenciales opuestos. La dialéctica interna implica cambios cualitativos (**La causalidad**, 1961, 37)

Los tipos de determinación están conectados

De acuerdo con Bunge los tipos de determinación son irreductibles entre sí. Ninguno puede considerarse como una simple mezcla de otras formas de determinación. Cada uno de ellos se caracteriza por una novedad propia. Sin embargo, a pesar de esto, están relacionadas entre sí constituyendo una jerarquía de tipos de determinación. También aclara que ningún tipo de determinación actúa de forma pura, con excepción de los casos ideales. “Los diversos tipos de determinación están genéticamente vinculados entre sí y los tipos más elevados dependen de los inferiores, sin ser reducibles a ellos por completo” (**La causalidad**, 1961, 40). Los tipos de determinación pueden ordenarse según un criterio de complejidad creciente, donde todos menos los dos primeros, autodeterminación cuantitativa y causación, arraigan en los tipos inferiores.

... el examen filosófico de la ciencia moderna nos obliga a comprender que en la descripción y explicación del mundo se emplea, en realidad, un vasto surtido de tipos de producción legal o determinación; que todos ellos tienen su réplica ontológica, aunque no por fuerza en los mismos sectores de la realidad, ni con igual extensión en todos los sectores (**La causalidad**, 1961, 42).

La determinación y su relación con la explicación

De acuerdo con Bunge, al igual que ocurre con los tipos de determinación, la ciencia presenta tipos de explicación de acuerdo con la categoría de determinación que se presenta. En este sentido, existen explicaciones de índole causal y de índole no causal.

Explicaciones de índole causal

- (1) Inclusión de una sucesión de sucesos o de estados- la forma típica es “B es así porque fue precedido por A, y se sabe o se supone que siempre que ocurre A es seguido por B.” No es necesario afirmar ningún nexo genético⁵³, el enunciado invoca una mera sucesión. Desde el punto de vista lógico esta clase de explicación consiste en apelar a alguna definición, y por lo tanto es tautológica.
- (2) Búsqueda de la génesis y la evolución- en ésta los rasgos actuales del explicandum se consideran como una etapa en su desarrollo: las leyes de la evolución, o bien las de la emergencia, desempeñan aquí el papel de explicadoras. Aquí se supone un vínculo genético mediante el cual la *raison d'être* de alguna cosa se explica en términos de su producción en un momento dado y de su ulterior desarrollo.
- (3) Vinculación con hechos diferentes- se conecta el hecho dado, no con otros factores de la misma serie, sino con hechos de diferente orden; y éstos actúan como los determinantes (o codeterminantes) del cambio de que se trata.
- (4) Análisis del complejo en hechos simples de la misma naturaleza- el hecho se explica como agregado o composición de hechos más simples- generalmente en escala menor- que o bien son conocidos o se supone que lo son, o simplemente se ofrecen como una conjetura sin prueba. Un punto esencial al respecto es que lo que se explica y los hechos que actúan como explicadores no han de ser radicalmente diferentes entre sí (**La causalidad**, 1961, 414).

La característica fundamental de las explicaciones causales es la unidireccionalidad de la determinación dirigida hacia el efecto. Un ejemplo de tipo causal es el de la acción de los genes de acuerdo con la genética clásica, las características son el resultado de la acción de los mismos donde la acción es completamente unidireccional, es decir, lo único que surge o se modifica es la característica (efecto) y el gen permanece intacto (causa). El mero enunciado “El fumar produce cancer” es también de tipo causal. Tanto en el ejemplo anterior como en este simplemente se postula el nexo causal, no se dice nada acerca del mecanismo responsable de la determinación.

⁵³ El hecho de que se diga que no es necesario afirmar nexo genético no implica que no se tenga razón para creer que existe una relación. Bunge alude más bien al hecho de que en la ciencia muchas veces existen afirmaciones que tienen esta forma.

Explicaciones de índole no causal

- (1) Reconocimiento, identificación o inclusión de una clase- la forma típica es “a es así y así porque es b, y se sabe (o se supone) que b tiene tales propiedades”. Es una explicación taxonómica, pues en esencia se reduce a una clasificación. Las causas están resueltamente ausentes de este tipo de explicación, aunque posteriores explicaciones en otros niveles puedan introducir el concepto de causación.
- (2) Descripción- en cierto sentido, la descripción es previa a la explicación; en otro sentido es una especie de explicación, aunque reconocidamente superficial. Más tarde o más temprano, damos con explicaciones verosímiles que nos permiten formular descripciones más complejas y exactas.
- (3) Explicación en términos de leyes de estructura estática- el objeto dado se analiza descomponiéndolo en entidades a las que se atribuye la ocupación de determinados lugares que explican las peculiaridades y funciones del conjunto.
- (4) Referencia a un nivel inferior- el objeto por explicar no es el mero agregado o suma de hechos de menor escala, sino el resultado de sucesos cualitativamente distintos que pertenecen a un nivel inferior. De este modo se establece una vinculación genética, pero no causal, entre diferentes dominios.
- (5) Referencia a un nivel superior- este tipo de explicación consiste en descubrir el lugar que ocupa el objeto dado en un todo e indicar la reacción de éste sobre la parte. La síntesis resulta de un análisis de la interdependencia de las partes.
- (6) Explicación estadística- las explicaciones estadísticas consisten, esencialmente, en demostrar que el objeto dado es miembro de una población estadística o de un proceso estocástico.
- (7) Explicaciones teleológicas- puede ser un error prescindir de la explicación teleológica tan sólo porque ésta ha sido vinculada al antropomorfismo y la teología: la actitud anticientífica con respecto a la teleología consiste en considerar la actividad finalista como un elemento, inexplicable, o como sobrenaturalmente dirigida. La tarea actual de la ciencia, en relación con la teleología, no parece consistir en negarla a priori, sino en tratar de explicar con leyes órganos, funciones y comportamientos adaptados a fines, en términos de

leyes de evolución, procesos de retroacción, etc.; consiste, para resumir, en explicar las pautas teleológicas en términos de otras leyes naturales, desalojando así de una vez por todas la noción de diseño de la biología. Hasta es posible que las leyes teleológicas no sean reemplazadas, sino explicadas por otras leyes: que, por ejemplo, llegue a demostrarse que han emergido en el curso de la evolución de los organismos y de las asociaciones de seres vivos.

- (8) Explicaciones dialécticas- consisten en revelar los conflictos internos y externos que animan ciertos procesos (no todos), o que provocan la emergencia de entidades dotadas de nuevas cualidades (**La causalidad**, 1961, 417).

Ejemplo de la física

Bunge expone un ejemplo de análisis de los tipos de determinación con un circuito eléctrico que consiste de una batería de corriente directa V , una resistencia R , un inductor L , y un interruptor S , todos conectados en serie (**La causalidad**, 1961, 471). Inicialmente cuando se cierra el interruptor comienza a circular una corriente eléctrica de intensidad i . Esta corriente produce a su vez un campo magnético cuya forma es de círculos concéntricos alrededor del alambre. En este sistema se hacen las siguientes suposiciones simplificadoras:

- 1) el circuito se encuentra aislado de otros sistemas físicos y por lo tanto los parámetros V , i , R y L son los únicos pertinentes y son independientes de las condiciones externas.
- 2) se descartan una serie de irregularidades y de perturbaciones externas tales como pequeñas alteraciones en el voltaje de la batería, pérdidas de corriente, variaciones en el campo magnético externo, fluctuaciones en la temperatura que pueden afectar los valores de V y R , etcétera.

La ecuación diferencial que describe el sistema es la siguiente:

$$V = L \frac{di}{dt} + Ri \quad (1)$$

Parecería inicialmente que el tipo de determinación es causal en el sentido de que la causa (el voltaje aplicado V) produce el efecto (la corriente i), sin embargo, al analizar el sistema se puede ver que el dominio causal está limitado en nuestro ejemplo ya que se dan otros

tipos de determinación. El dominio causal se da sólo cuando la corriente i ha alcanzado su valor máximo final i_s dado por la ley de Ohm, que aquí es un caso especial de la relación (1). Sin embargo, antes de alcanzar el estado estacionario y después de éste, cuando se abre el interruptor, las determinaciones no son de tipo causal. Nuestro proceso se puede descomponer en tres etapas fundamentales.

El análisis muestra que al inicio, al cerrar el interruptor, el valor de la corriente aumenta de manera continua desde un valor inicial 0 hasta un valor estacionario constante i_s . La razón para esto es que se genera una corriente inducida en el circuito que se opone a la corriente aplicada, mientras la corriente aumenta se produce un campo magnético de intensidad creciente alrededor de la bobina y reacciona sobre la corriente que pasa a través de ella disminuyendo la razón de crecimiento de la misma. El flujo magnético variable que produce la corriente al aumentar produce a su vez una fuerza electromotriz inducida que se opone al voltaje aplicado. Esta fuerza electromotriz inducida es la que no permite que la corriente alcance su valor máximo de manera inmediata. Por esto se puede decir que en esta fase del proceso la categoría de determinación que impera es la interacción.

Al pasar a la segunda etapa del proceso se podría decir que la categoría de determinación predominante es causal según estipula la ley de Ohm. Sin embargo, esto es cierto sólo en el nivel macroscópico ya que si trascendemos a otro nivel y pasamos del macroscópico al microscópico la cosa es diferente. En el microscópico, cuando consideramos la teoría acerca de la conducción electrónica, no sólo nos damos cuenta de que la categoría de determinación que predomina no es causal, sino que esta ni tan siquiera entra en juego. A este nivel la determinación está constituida de varias categorías. Entra en juego, primero, la autodeterminación estipulada por la inercia de los electrones. En segundo lugar, también está involucrada la interacción estipulada por la acción recíproca entre los electrones, la red del cristal y las impurezas del mismo. En tercer lugar, la determinación estadística juega un papel al considerar el conductor como compuesto por un gas de electrones. Todas estas categorías de determinación están, al considerarse en conjunto, quedan enmascaradas de forma tal que el movimiento promedio de los electrones es constante y obedece la ley de Ohm que es típicamente causal. Es importante recalcar que esta determinación se da en el nivel macroscópico. En palabras de Bunge:

Aquí estamos, en suma, analizando el dominio causal de una ley determinada que pertenece a un nivel dado; nos ocupamos del componente causal de una ley en particular, y no de los aspectos causales de un suceso o de una sucesión de eventos, pues cada fenómeno en particular es el lugar común de todo un conjunto de leyes pertenecientes a diversos niveles (**La causalidad**, 1961, 477).

Al pasar a la tercera etapa del proceso, al abrir el interruptor, la corriente no cesa inmediatamente sino que va desapareciendo de manera gradual. Esto se debe a que el campo magnético al disminuir produce una fuerza electromotriz que mantiene una corriente fluyendo por el conductor aún después de haber eliminado el voltaje aplicado. Como dicho voltaje ha sido eliminado, no se trata de un proceso causal, sino de un proceso autodeterminado.

Otros ejemplos de determinación

Bunge menciona otros casos de determinación diferentes de la determinación causal. La ley de la gravitación universal

$$F_G = G \frac{m_1 m_2}{R^2} \quad (2)$$

es un ejemplo de una ley en la que el tipo de determinación es la interacción. Aquí no tiene sentido decir que la masa m_1 es la causa de la aceleración de m_2 o viceversa. Sólo si una de las dos masas es mucho menor que la otra podemos decir que la masa mayor es la causa de la aceleración de la masa más pequeña y en este caso descartar desde el punto de vista cuantitativo la aceleración de la masa mayor. Un ejemplo similar es el caso de la fuerza eléctrica al que se le asocia una relación que posee la misma forma que el caso gravitacional

$$F_E = k \frac{q_1 q_2}{R^2} \quad (3)$$

De nuevo, sólo si la masa de la distribución de cargas que produce el campo eléctrico, como por ejemplo una placa de metal cargada con electricidad, es mucho mayor que la masa de la partícula que se coloca en presencia de ella, entonces, podemos decir que el

efecto es unilateral. En estos casos, el gravitatorio y el eléctrico, podemos decir que en muchas ocasiones se aplica una aproximación causal.

Las ideologías políticas son otro ejemplo de entidades que actúan a manera de interacción. De acuerdo con Bunge

se desarrollan en un ambiente social y cultural dado, son eficaces sólo en la medida en que se adaptan a la estructura social existente o bien a los movimientos sociales empeñados en tratar de modificarla; pero además de ser hijas de situaciones sociales objetivas, las ideologías pueden reaccionar sobre el sistema de relaciones sociales en cuyo medio se desarrollan, y cooperar a la conservación o a la modificación de las propias condiciones que suscitaron su emergencia (**La causalidad**, 1961, 224).

Las funciones sociales dependen en última instancia del trabajo, la producción material, la economía y otros factores que se encuentran en el nivel individual, sin embargo, a pesar de que en la mayor parte de los casos la dependencia con respecto a la base material es unilateral, en ciertos aspectos fundamentales la dirección puede invertirse. Sólo si se ignoran los mecanismos internos se puede considerar una aproximación causal, pues un análisis completo requiere de una serie de categorías de determinación diferentes.

En cuanto a la teoría del conocimiento, muchas posturas han defendido la idea de que el sujeto es un ente en el cual el conocimiento se construye cuando el mundo externo produce una impresión sobre el sujeto que la registra pasivamente. Sin embargo, en este caso no se trata de una influencia unidireccional del mundo sobre el sujeto sino que es un proceso de interacción e integración. En palabras de Bunge

la adecuación (o mejor dicho la reproducción fiel que suele llamarse metafóricamente 'reflejo') es todo menos una impresión sobre una tábula rasa: es por el contrario el resultado de una actividad peculiar del conocedor, de un proceso de creación en el cual el sujeto se pone él mismo en acción recíproca con su medio ambiente natural y artificial (**La causalidad**, 1961, 229).

Un ejemplo de la biología es la invasión de un organismo por parte de microbios patógenos. De acuerdo con la teoría clásica de los microorganismos como causantes de enfermedades, toda dolencia se reduce a una modificación del organismo producida por una infección microbiana, sin ninguna participación activa del 'paciente'. En esta teoría típicamente causal no surge ningún conflicto de entidades

opuestas, una que procede del exterior y otra que se desarrolla en el ámbito interno (**La causalidad**, 1961, 257).

La patología moderna ve a los organismos enfermos, sin embargo, no como pacientes sino como luchadores activos. Además, enfermos o sanos, los organismos poseen una tendencia a mantener un estado interno constante y lo hacen de manera autosuficiente. Ellos eluden, contrarrestan y cambian los determinantes causales externos. En este sentido la categoría de determinación predominante es la autodeterminación pero si se consideran a los microorganismos como parte del sistema, la determinación en este caso es de interacción.

En la mecánica estadística los sistemas se consideran como constituidos de un número grande de partículas que interactúan entre sí. En el nivel macroscópico, estas interacciones en la termodinámica dan lugar a la ecuación de estado de un gas que relaciona la presión, la temperatura y el volumen del gas en un instante. Estas tres variables están relacionadas entre sí de manera interactiva, es decir, cambio en una de las variables necesariamente implica un cambio en alguna de las otras dos, si no las dos.

En la biología podemos encontrar también la interacción, por ejemplo, si se consideran los genes que tienen la función de responder a las condiciones del medioambiente. En estos casos ciertas condiciones particulares hacen que se activen ciertos genes que se encargan de regular las condiciones para que el organismo pueda seguir funcionando, de manera que el medioambiente regula qué genes se activan pero a la misma vez los genes actúan sobre el medioambiente para regular los procesos. En la biología de poblaciones también se consideran a los organismos como interactuando entre sí. El modo de vida de cada organismo tiene influencia sobre el sistema de manera que todos son afectados aunque sea de manera indirecta por cualquier cambio, aunque sea leve.

El concepto de inercia es uno que está basado en la idea de un proceso automantenido (autodeterminación). Ejemplos análogos a este de inercia lo son, en el caso eléctrico, una corriente que fluye por un superconductor, en el caso magnético, la magnetización producida en un trozo de acero (en contraste con la que se induce en un pedazo de hierro dulce), en el caso de la biología el concepto de esencia que permite fundamentar muchos de los procesos que se dan en los organismos, y en el caso óptico, un rayo de luz que se mueve en el vacío. En todos los anteriores la causa ha dejado de actuar mas el proceso se mantiene.

Otro ejemplo de proceso automantenido lo es el de las reacciones químicas o las reacciones nucleares en cadena. La causa externa sólo desencadena el proceso interno que sigue de manera autodeterminada una vez deja de actuar la causa. De acuerdo con Bunge, “En casos ideales el efecto puede perpetuarse; en condiciones reales este tiempo es finito; y particularmente en la vida cotidiana- donde las fuentes de disipación de energía, tales como la fricción, son intensas- el tiempo de recuperación es a menudo muy breve” (**La causalidad**, 1961, 275). Otro ejemplo similar a éste es el de la conducción de impulsos eléctricos a lo largo de los nervios. Al principio se requiere de un ‘potencial de acción’ para poder desencadenar un pulso nervioso. Además, las fibras nerviosas no son sólo conductoras sino también fuentes de nuevos impulsos que son necesarios para que la transmisión del impulso pueda mantenerse. En el caso de la bioquímica los procesos que se postulan son mayormente automantenidos también. Por ejemplo, las leyes que dan cuenta de los procesos de duplicación del ADN, de transcripción del ADN en ARN y de traducción de ARN para formar proteínas mayormente se presentan como descripciones de dichos procesos y en pocas etapas de dichos procesos se alude a otros determinantes que no sean autodeterminantes.

Tomando los casos de la sociología y la historia, se tiene que entran en juego la determinación estadística, la autodeterminación, la determinación teleológica y la determinación dialéctica. En cuanto al caso de la historia, la mayor parte de las leyes son estadísticas en dos sentidos: primero, en el sentido de que implican agrupaciones de hombres, y segundo, en el sentido de que no rigen para todos los casos particulares sino sólo en cierto porcentaje de ellos. Algunos procesos en la historia son autodeterminados (determinados internamente por la estructura del grupo social). Otros procesos son dialécticos (consisten o son el resultado de luchas entre grupos de hombres). También algunos procesos son de índole teleológica (dirigidos hacia la realización de objetivos definidos). En cuanto a la sociología, se da la determinación estadística en el sentido de que la mayoría de las leyes económicas, sociales, culturales e históricas no consisten en patrones fijos recurrentes. No se aplican sin excepción a todo tipo de suceso individual sino sólo a un porcentaje dado y valen para grandes colecciones de sucesos (regularidades colectivas).

La determinación y las reconstrucciones conjuntistas

Según hemos visto que las reconstrucciones conjuntistas que se presentaron contienen una estructura fundamental básica constituida de dos elementos: la base de contrastación y la parte T-teórica. Ambos elementos están separados en términos de la representación por una línea horizontal. En la base de contrastación se van a plantear un conjunto de fenómenos que abarca una serie de hechos de los cuales se quiere dar cuenta con la teoría. La manera en que una teoría representada como un conjunto de modelos da cuenta de la base de contrastación es a través de trayectorias alternativas que permiten llegar de un elemento a otro del modelo en un caso aludiendo a términos no teóricos, esto es, a términos que son parte de la base de contrastación, y en otro caso aludiendo a términos teóricos, esto es, a términos que introduce la teoría para dar cuenta su base de contrastación. En la concepción sintacticista de las teorías la manera en que la teoría relaciona los términos teóricos con los términos empíricos es a través de las reglas de correspondencia. En esta representación de las teorías como modelos la relación entre las partes teórica y no teórica se da a través de relaciones que asignan unas ciertas estructuras teóricas a ciertos elementos no teóricos. En estos casos se dice que las trayectorias son conmutativas.

La determinación en THM

La determinación en THM está dada de acuerdo con cuatro leyes. Las mismas están representadas en el diagrama de la figura 1. La primera ley es la que relaciona la parte teórica con la parte no-teórica y está representada por la función η . La segunda especifica la constitución de las células gaméticas en términos de los elementos responsables de las características. La tercera especifica la manera cómo se da la recombinación de los elementos contenidos en las células gaméticas de los padres para formar las células germinales de la progenie y está representada por la función Ψ . Estas últimas dos leyes están reconocidas por el mendelismo como la ley de segregación y la ley de recombinación. En ambos casos la determinación es de tipo estadística. La cuarta ley que trata acerca de la acción de los genes está representada por la función σ . El tipo de determinación estipulado en este caso es causal. Resulta de una relación entre el elemento que causa una característica y la característica. Sólomente la característica es alterada en el sentido de que

surge y se desarrolla, el factor no es alterado y es capaz de pasar a la siguiente generación de esa manera.

Examinando en conjunto la determinación que especifica el mecanismo de transmisión de elementos, notamos varias cosas. Primero, a pesar de que se estipula una determinación causal entre los elementos y las características, no es posible lograr una predicción individual de la progenie. Las predicciones que hace la teoría son de tipo estadístico. La razón para esto es que tanto el proceso de segregación de los elementos en las células gaméticas como la unión de las células gaméticas de los padres para formar las células germinales obedecen leyes estadísticas. En principio si se supiera el contenido de cada una de las células gaméticas que dan origen al individuo nuevo, en términos de los elementos que posee, se podrían predecir las características del mismo. En la práctica esto no es posible debido a que en la determinación están involucradas las leyes estadísticas relacionadas con las leyes de segregación y recombinación. La predicción sí puede darse en el nivel individual. La explicación es posible tanto en el nivel estadístico como en el nivel individual. Se dice que el individuo muestra las características asociadas a los elementos que recibió de sus padres mediante el proceso estipulado en la teoría.

La determinación en TMH

En TMH la determinación está dada por cuatro leyes. Fundamentalmente son las mismas que en THM con excepción de algunas modificaciones hechas para ajustar los conceptos desarrollados por el mendelismo. La ley que relaciona la parte teórica con la parte no teórica está representada por la función δ . En TMH la segregación está representada mediante la función γ . De la estructura de parejas de alelos contenida en un espermatocito o en un oocito se forman estructuras de alelos sencillos contenidas en las células gaméticas. De nuevo la recombinación se representa mediante la función Ψ . En ambos casos la determinación es de tipo estadística. En cuanto a la cuarta, la que trata acerca de la acción de los genes, representada por la función σ , se mantiene que la determinación es de tipo causal. Según ya se había comentado TMH no altera la estructura fundamental de THM de manera que ocurre lo mismo en el sentido de que la predicción sólo se puede dar en el nivel estadístico. La teoría explica los fenómenos estadísticos y en el nivel del individuo. También, como en el caso de THM, se brinda una explicación en el

nivel del individuo pero la misma es una de tipo causal de manera que es una de carácter superficial.

La ventaja que posee TMH sobre THM es que con el concepto de ‘genes ligados’ y el concepto de ‘grupos de genes’ que causan ‘grupos de características’, logra ampliar el repertorio de explicaciones exitosas al dar cuenta de otras proporciones distintas a las que presentó Mendel en su trabajo. Se puede notar aquí que el hecho de poder ampliar el repertorio explicativo obedece al hecho de haber aclarado muchos de los conceptos que THM planteó inicialmente y que TMH desarrolló después.

La determinación en TCH

La determinación en TCH es similar a la de TMH. Siendo una teoría mendeliana TCH mantiene fundamentalmente la misma estructura de determinación que TMH. La diferencia fundamental radica en que TCH localiza a los genes en los cromosomas y esto hace que se puedan especificar un poco mejor las leyes y los mecanismos asociados a la transmisión de los genes de una generación a otra. La determinación en TCH está dada por cinco leyes. La ley que relaciona la parte teórica con la no teórica está representada por la función τ . La segunda, la ley de segregación, está representada por la función μT . El haber localizado a los genes en los cromosomas llevó a TCH a especificar que el proceso de meiosis, que incluye lo que ocurre a los cromosomas, es el que da cuenta de la segregación. Los genes así se transmiten a la siguiente generación en grupos ligados de acuerdo con la manera en que se encuentran arreglados los genes en los cromosomas de la especie. La tercera ley, la de recombinación, representada por la función Φ , se describe en términos de parejas de cromosomas homólogos que se unen y, en conjunto con otros pares de cromosomas homólogos, pasan a formar el genotipo del nuevo individuo. Al pasar de TMH a TCH no ocurre ningún cambio en cuanto a la cuarta ley, la que se refiere a la acción de los genes, representada por la función σ . La determinación sigue siendo de tipo causal: un conjunto de genes causan un conjunto de características sin ser afectados o modificados.

A pesar de haberse logrado un avance en la descripción del proceso de transmisión de los genes, en términos de lo que se logra en el nivel explicativo no hay cambio. Permanece el hecho de que la predicción no se puede dar en el nivel del individuo. La

predicción permanece de naturaleza estadística, sólo se puede predecir la manera en que grupos de individuos, y no individuos, heredan los rasgos.

La quinta ley estipulada en TCH es la que se refiere al fenómeno de sobrecruzamiento y está representada por la trayectoria de sobrecruzamiento asociada a la función μT . Dicha ley asocia un fenómeno observado y reportado en 1909 por la citología, específicamente observado por F. A. Janssens y llamado ‘*chiasmata*’, con el intercambio de partes similares entre cromosomas homólogos. Esta quinta ley es de tipo estadístico. Con esta ley se logra afinar el repertorio explicativo de la teoría al lograrse explicar con más precisión los datos relacionados a los cruces, específicamente la manera un poco extraña en que parecían ligarse los genes al transmitirse. Esta quinta ley incluida en TCH provee la base teórica para la metodología mediante la cual se reconstruyen los mapas genéticos de los cromosomas de las especies.

La determinación en TBH

En TBH la determinación pasa a ser de otro tipo. Ya vimos que en gran medida TBH lo que hace es llenar huecos descriptivos. TBH da cuenta de muchos de los procesos que TCH había dejado sin especificar. La determinación en TBH está dada por ocho leyes. En esta reconstrucción la parte no teórica está relacionada con la parte teórica a través de la función ν . Lo que le ocurre a los cromosomas durante los procesos de mitosis y meiosis queda descrito en términos bioquímicos, en la mitosis por la función ζ y en la meiosis por la función ψ . En ambos casos el proceso de replicación del ADN es fundamental. La función ϕ representa la fusión de las estructuras de moléculas de ADN de ambos padres para formar la estructura molecular de ADN del nuevo individuo. La función Ψ es la que hace a TBH una especialización de la bioquímica en el sentido de que a una cierta estructura de ADN en términos de nucleótidos le asigna una estructura en términos de tripletes. En términos de la acción de los genes TBH introduce tres procesos fundamentales: la transcripción de la información contenida en el ADN a la molécula de ARN heterogéneo nuclear (representada por la función Θ), la maduración del ARN heterogéneo nuclear para convertirse en ARN mensajero (representada por la función Ω) y la traducción de la información contenida en el ARN mensajero a proteínas (representada por la función Π).

En los cuatro casos se da el hecho de que las leyes que plantea TBH son de tipo de autodeterminación. Se refieren a procesos automantenidos que se dan en el nivel macromolecular donde no se alude a causas o a otros determinantes que puedan dar cuenta de dichos procesos. Con estas leyes en el nivel descriptivo, sin embargo, se hace posible el profundizar acerca de la predicción y la explicación de las características en el nivel individual. Una vez descifrado el código genético y conociendo el mecanismo de expresión genética se hace posible, al menos en principio, dar cuenta de la síntesis de proteínas. Así, si se conoce la secuencia de tripletes contenida en el ADN de un individuo, no sólo se podrían predecir sus características, sino que también se podrían explicar con más profundidad de la que se logra en TCH. En especial es importante mencionar que las leyes que introduce TBH, a pesar de ser de tipo descriptivo, llenan el hueco representado por σ en TCH, dando cuenta de la expresión genética. Así, el proceso pasa de ser uno de tipo de caja negra a ser otro determinado por un mecanismo de autodeterminación.

Capítulo VII: Análisis de la trayectoria de progreso de la genética

Propósito

En este capítulo se llevará a cabo un análisis de la trayectoria de progreso alcanzado por el desarrollo del conocimiento acerca de la genética considerando los modelos de Philip Kitcher y Larry Laudan.

Modelo de progreso científico de Kitcher

El modelo de progreso que plantea Kitcher está fundamentado o relacionado con el concepto de 'verdad significativa' a tal grado que reconoce que si este último es incoherente entonces su análisis de progreso científico es incorrecto⁵⁴. De acuerdo con él una secuencia de prácticas es progresiva

if most members of the sequence are progressive with respect to their predecessors and if any nonprogressive subsequences are followed by a subsequence whose final member is progressive with respect to any earlier practice in the sequence (Kitcher, 1993, 91).

El punto fundamental es que la progresividad de una secuencia de prácticas se circunscriba a una relación binaria entre diferentes prácticas. En este sentido se debe definir una familia de relaciones que se den entre dos prácticas cuando se da la progresividad. El criterio de adecuación debe dejar claro cómo lograr la secuencia progresiva de prácticas representa la realización de ciertas metas. Estas metas deben ser impersonales para que puedan defenderse como universales.

El concepto de 'verdad significativa' se refiere a lo que los científicos intentan obtener que según Kitcher es organizar nuestra experiencia de la naturaleza. De acuerdo con él, la articulación de este concepto requiere de la elucidación de dos variedades de progreso: progreso conceptual y progreso explicativo. La significatividad se deriva del

⁵⁴ "If the uses I make of the concept of truth are incoherent, then my account of progress will be wrong" (Kitcher, 90).

proyecto de ordenar la naturaleza, un proyecto que se va articulando a medida que los científicos conceptualizan y explican⁵⁵.

La filosofía tradicional ha desenfocado el asunto al adoptar la posición pesimista de que las teorías o partes de ella, a lo sumo, sólo pueden ser aproximaciones de la realidad. En este sentido preguntarse si alguna hipótesis o teoría es correcta llevaría a una respuesta negativa. Enfocar el asunto alrededor del concepto de 'verdad significativa' ayuda a evaluar la progresividad ya que en lugar de cuestionarnos por la verdad lo hacemos por la significatividad. Kitcher pone el ejemplo de la estructura de doble hélice del ADN. En este caso dice que no tiene sentido cuestionarse la veracidad de dicha estructura, existen moléculas de ADN con sólo una hebra. Sin embargo, advierte que a pesar de ésto, la hipótesis es significativa en el sentido de que es una respuesta a una pregunta significativa y además, las instancias contrarias se encuentran fuera del propósito para lo que fue planteada la hipótesis.

Progreso conceptual

De acuerdo con Kitcher, se logra progreso conceptual cuando ajustamos las fronteras de nuestras categorías a los tipos y cuando somos capaces de proveer una especificación más adecuada de nuestros referentes. Con relación a esta definición, él plantea la tesis de que los cambios conceptuales que se han dado en la ciencia y que han atraído mucho la atención pueden entenderse como progresivos al reconocer que han involucrado una mejoría en las referencias potencial de términos clave. En general el progreso conceptual lo introduce de la siguiente manera:

(CP) A practice P_2 is conceptually progressive with respect to a practice P_1 just in case there is a set C_2 of expressions in the language of P_2 and a set C_1 of expressions in the language of P_1 such that

⁵⁵ "As science proceeds we become better able to conceptualize and categorize our experience. We replace primitive conceptions of what belongs with what, what things are akin, by improved ideas about natural groupings. Our language develops so that we are able to refer to natural kinds and to specify our references descriptively. In addition, we are able to construct a hierarchy of nature, a picture of what depends on what. Against the background of our categories and our hierarchy, we are able to pose significant questions, questions that demand more detail about our picture of the world. Significant statements answer significant questions. Significant experiments help us to resolve significant questions. Significant instruments enable us to perform significant experiments. Methodological improvements help us to learn better how to learn, to improve our evaluation of significant statements" (Kitcher, 95).

- (a) except for the expressions in these sets, all expressions that occur in either language occur in both languages with a common reference potential.
- (b) For any expression e in C_1 , if there is a kind to which some token of e refers, then there is an expression e^* in C_2 which has tokens referring to that kind
- (c) For any e, e^* , [as in (b)], the reference potential of e^* refines the reference potential of e , either by adding a description that picks out the pertinent kind or by abandoning a mode of reference determination belonging to the reference potential of e that failed to pick up the pertinent kind (Kitcher, 1993, 104).

Progreso explicativo

Según Kitcher, el progreso científico “consists in improving our view of the dependencies of phenomena” (Kitcher, 1993, 105), donde los juicios acerca de la dependencia de los fenómenos se entienden como concernientes a las formas de explicación ideal que los científicos visualizan. Así, los diferentes campos de la ciencia experimentan progreso explicativo cuando las prácticas posteriores introducen esquemas explicativos que son mejores que aquellos adoptados por prácticas anteriores. Aquí surge la pregunta de definir o aclarar lo que significa la palabra ‘mejor’. Kitcher ofrece dos alternativas en este sentido

Explanatory progress consists in improving our account of the structure of nature, an account embodied in the schemata of our practices. Improvement consists either in matching our schemata to the mind-independent ordering of phenomena (the robust realist version) or in producing schemata that are better able to meet some criterion of organization (for example, greater unification) (Kitcher, 1993, 106).

Así, un esquema es más completo que otro si el primero incluye un conjunto de propiedades y entidades relevantes apropiado para la explicación o si el primero incluye correctamente una mayor cantidad de fenómenos dependientes. Kitcher define progreso explicativo de la siguiente manera:

(EP) P_2 is explanatorily progressive with respect to P_1 just in case the explanatory schemata of P_2 agree with the explanatory schemata of P_1 except in one or more cases of one or more of the following kinds.

- (a) P_2 contains a correct schema that does not occur in P_1 .

- (b) P_1 contains an incorrect schema that does not occur in P_2 .
- (c) P_2 contains a more complete version of a schema that occurs in P_1 .
- (d) P_2 contains a schema that correctly extends a schema of P_1 (Kitcher, 1993, 111)

La práctica científica consensuada

Para tener un espectro amplio en el momento de evaluar el progreso científico es importante reconocer los componentes de la práctica científica consensuada. De acuerdo con Kitcher

... the practice of an individual scientist is a multidimensional entity whose components are the language used in the scientist's research, the statements about nature that the scientist accepts, the questions that are counted as important, the schemata that are accepted for answering questions (together with assessments of how they are applied to "paradigm" examples and how frequently they are likely to be exemplified in coping with unsolved problems), the methodological views that are specific to the research of the field of science, the canons of good observation and experiment, and the standards for assessing the reliability of others (together with particular views about the authority and reliability of contemporary co-workers in the field) (Kitcher, 1993, 31).

... it is easy to specify the kind of thing a consensus practice is: it is constituted by a language; an (impersonal) assessment of significant questions; a set of accepted statements with a (partial) justificatory structure; a set of explanatory schemata; a set of paradigms of authority and criteria for identifying authorities; a set of exemplary experiments, observations, and instruments and justificatory criteria; and finally, a set of methodological exemplars and methodological principles (Kitcher, 1993, 87).

Esta práctica consensuada es importante ya que es la manera en que todo un conjunto de elementos fundamentales para la construcción del conocimiento científico pasa de una generación a otra. Según Kitcher los veteranos entrenan a los aprendices en un proceso en el que los segundos forman su propia práctica individual que se va desarrollando de acuerdo con dos elementos fundamentales: las particularidades que contiene la práctica

consensuada según se le enseñó y el estado cognitivo que el aprendiz posee durante el proceso de entrenamiento.

También existe otra fase posterior al aprendizaje en que la práctica consensuada es modificada y es la fase de trabajo en la que ésta es modificada fundamentalmente por dos factores: a través de conversaciones con sus colegas y a través de lo que Kitcher llama 'encuentros con la naturaleza' que se refiere a la manera en que el científico interviene con la naturaleza utilizando el aparato conceptual, empírico y metodológico de su práctica. La práctica individual del científico se manifiesta a otros mediante su comportamiento: "in her assent to certain statements, her pursuit of certain questions, her use of certain instruments or techniques, her production of texts with certain structures, her disposition to rely on some informants and not others" (Kitcher, 1993, 60). Al final, las modificaciones que se dan en las prácticas individuales inducen según Kitcher un cambio en la práctica consensuada de acuerdo con las reglas que forman parte del sistema social de la comunidad.

El lenguaje científico y la dinámica del cambio conceptual

La idea discutida por Kuhn acerca de la inconmensurabilidad entre dos paradigmas acarrea la consecuencia de que los lenguajes utilizados por dos grupos de científicos que trabajan aceptando diferentes paradigmas o matrices disciplinares no son traducibles el uno al otro. Es importante este asunto en el sentido de que se deben conocer los límites del lenguaje si es que se quiere entender la dinámica del cambio conceptual.

De acuerdo con Frege las expresiones lingüísticas se caracterizan por tener dos funciones: referencia y extensión. La primera es en el sentido de que las expresiones refieren a entidades, como por ejemplo, objetos, grupos de objetos, relaciones, etcétera. Pero la referencia no agota las funciones semánticas del lenguaje ya que en ocasiones al sustituir una parte de una expresión por otra expresión con el mismo referente se afecta el contenido de la expresión. Las expresiones lingüísticas se caracterizan también por expresar entidades intencionales o 'extensión'. El ejemplo que menciona Frege es el de los términos que se usan para el planeta Venus. De acuerdo con Kitcher:

To use Frege's famous example, the expression 'the morning star' and 'the evening star' both refer to the planet Venus, but, whereas the sentence 'The morning star is

the same as the evening star' is informative (and could be surprising to a hitherto uninformed astronomical observer), the sentence 'The morning star is the morning star' is a trivial identity that will be accepted by the astronomical tyro (Kitcher, 1993, 75).

La extensión también determina la referencia pues dos expresiones con la mismo extensión deben tener el mismo referente.

Para Kitcher el modo de referencia de un término (mode of reference of a token) es lo que hace que un cierto término se refiera a un cierto objeto. Según él los modos de referencia se pueden clasificar en tres categorías: de tipo descriptivo, cuando un individuo selecciona un objeto que satisface una descripción particular (el referente es cualquier cosa que satisface esa descripción), de tipo bautismal, cuando un individuo tiene intención de seleccionar un objeto particular presente (o un conjunto de objetos, con uno de sus miembros presente), y de conformación, cuando un individuo se atiene al referente establecido por otros (el referente es determinado por la cadena causal que lleva hasta el primer usuario del término).

En una comunidad científica un término en particular se asocia con un compendio de modos de referencia asociados a la variedad de maneras que los científicos utilizan para determinar los referentes. Kitcher llama al compendio de modos de referencia de un término 'potencial referencia de un término' (reference potential of a term). Para Kitcher los modos de referencia en la ciencia pueden incluir a las tres categorías mencionadas⁵⁶.

El concepto de significatividad

El concepto de 'pregunta significativa' es fundamental para entender o evaluar los otros componentes de la práctica científica. Según Kitcher hay dos maneras en que la significatividad aplica a las preguntas científicas: al generar preguntas de aplicación en las que se quiere encontrar instanciaciones del esquema disponible, y al generar preguntas presuposicionales para investigar las condiciones bajo las cuales los esquemas disponibles deben instanciarse. En cuanto a la primera, en las primeras etapas de evaluación de un nuevo esquema, prácticamente todas las instanciaciones son importantes. Sin embargo, una vez que se logra un conjunto de respuestas paradigmáticas algunas instanciaciones dejan

⁵⁶ "Reference potentials are typically heterogeneous: that the linguistic community to which a scientist

de tener importancia con respecto a otras que la mantienen, en específico, las que involucran dificultades especiales para producir alguna instanciación. En cuanto a la segunda, las preguntas presuposicionales surgen cuando alguna instanciación de un esquema aceptado presupone la verdad de algún reclamo controversial. Este esquema de preguntas significativas puede verse como un árbol en el que el vértice representa una pregunta central que puede atacarse con el esquema general. A lo largo de cada una de las ramas se generan preguntas sucesivas que son significativas porque la respuesta a ellas ayuda a obtener la respuesta de alguna pregunta anterior.

Otros tipos de progreso

Una vez que se tiene el concepto de 'pregunta significativa' es relativamente simple entender la progresividad con respecto a los otros componentes de la práctica científica. De acuerdo con Kitcher, una práctica consensuada está bien fundamentada en términos erotéticos si las preguntas a las que asigna significado son aquellas que son significativas con relación a su esquema. Se dice que se logra progreso erotético cuando se tiene una práctica consensuada bien fundamentada en la que se plantean preguntas significativas genuinas que no se habían planteado antes.

Las técnicas experimentales y los instrumentos se evalúan en términos de cuán útiles son para ayudar a los científicos a responder a las preguntas significativas. De acuerdo con Kitcher se logra progreso instrumental o experimental al adoptar una práctica en la cual un instrumento nuevo o una técnica nueva nos sirve para lograr más de lo que otro instrumento o técnica anterior nos permite lograr.

El progreso en términos de las afirmaciones que los científicos aceptan puede ocurrir de varias maneras: "Sometimes, scientists eliminate falsehood in favor of truth, abandon the insignificant, add significant truths, or reconceptualize already accepted truths" (Kitcher, 1993, 117). Este tipo de progreso consiste en parte en cambiar falsedad por verdad significativa, o utilizar un lenguaje mejorado para reformular verdades significativas enunciadas con anterioridad.

También se logra progreso con respecto a los principios metodológicos cuando los científicos formulan estrategias que les brindan mayores oportunidades de lograr progreso

belongs allows a number of distinct ways of fixing the reference of tokens of terms (Kitcher, 1993, 78).

conceptual, progreso explicativo, progreso erotético y progreso en términos de las afirmaciones que aceptan.

El progreso científico y el realismo

El modelo de progreso de Kitcher tiene fundamento en una postura realista y coherentista⁵⁷. El fundamento que ofrece Kitcher para esto radica en la suposición de que a pesar de que reconoce que el aparato cognitivo humano posee limitaciones que no le permiten conocer todos los aspectos del mundo, dichas limitaciones no son tales que le impiden conocer en parte algunos aspectos del mundo⁵⁸. Para apoyar su postura realista Kitcher ataca la inducción pesimista de la historia de la ciencia que consiste en adjudicar una observación pesimista a la ciencia teórica por el mero hecho de que mucha ciencia teórica del pasado ha sido descartada. Kitcher responde a esta postura argumentando que el reclamo que hace no es correcto

The history of science does not reveal to us that we are fallible in some undifferentiated way. Some kinds of claim endure, other kinds are likely to be discarded as inaccurate. Furthermore this is exactly what we would have expected given our conception of the relationship between human cognitive systems and nature. According to that conception we are relatively good at finding out some things, and discover others only with relative difficulty (Kitcher, 1993, 138).

De acuerdo con Kitcher la historia de la ciencia lo inclina a pensar con respecto al conocimiento que la ciencia ha mantenido de una manera optimista en lugar de pesimista. Añade que muchos conceptos científicos experimentan un proceso acumulativo de refinación de su referente antes de alcanzar un nivel estático en el cual a pesar de que la teoría se modifique dicho concepto mantenga el mismo sentido. También menciona que la dificultad para obtener conocimiento verdadero varía dependiendo del campo de que se

⁵⁷ “We have scientific views about the relations between ourselves and the rest of nature. In the light of these scientific views we can evaluate the likelihood that we are right about various kinds of things” (Kitcher, 134). “Our scientific conception of the physical-physiological-psychological relations between human cognitive systems and nature supports theses to the effect that certain types of processes and procedures yield true beliefs” (Kitcher, 1993, 135).

⁵⁸ “If scientist, like other people, are recognized as biological entities, who have evolved under selection pressures that are (at least prima facie) quite remote from the demands of the quest for the truth about quarks or jumping genes, who are, in consequence, cognitive systems with identifiable limitations and deficiencies, and who are embedded in complex networks of social relations, then the chances that their activities will result in the attainment of truth can seem distressingly low” (Kitcher, 1993, 6).

trate⁵⁹. La justificación para el optimismo, según él, la provee la misma ciencia a base de la interacción causal que se postula entre los seres cognoscientes y la naturaleza⁶⁰. Para Kitcher la tesis realista no implica que tenemos un acceso no prejuiciado a la naturaleza. Sólo que ese prejuicio no es tan poderoso como para prevenir que salgamos del error en algún momento.

Modelo de progreso científico de Laudan

A diferencia de Kitcher, cuyo modelo de progreso se fundamenta en gran medida en una postura coherentista, el modelo de progreso de Laudan se fundamenta principalmente en la solución de problemas. La estrategia que sigue consiste en fundamentar el concepto de racionalidad en el de progresividad. En este sentido no sigue el método tradicional de fundamentar la racionalidad y el progreso en la confirmación o la falsificación. En sus palabras “we have a clearer model for scientific progress than we do for scientific rationality; that, moreover, we can define rational acceptance in terms of scientific progress” (Laudan, 1977). La ventaja principal que tiene este modelo por sobre el de Kitcher es que ofrece un criterio objetivo para determinar cuando ha habido progreso científico. El fundamento para tomar como criterio de progreso la solución de problemas es simplemente el hecho de que la ciencia es en esencia una actividad de solución de problemas. Así en este sentido las teorías se consideran como un resultado, son importantes en la medida en que proveen soluciones adecuadas a los problemas. Con relación a las teorías propone dos tesis

Thesis 1: The first and essential acid test for any theory is whether it provides acceptable answers to interesting questions: whether, in other words, it provides satisfactory solutions to important problems (Laudan, 1977, 13).

Thesis 2: In appraising the merits of theories, it is more important to ask whether they constitute adequate solutions to significant problems than it is to ask whether

⁵⁹ “The world may be such that our ability to achieve true generalizations about it may vary significantly from field to field- and we may use that knowledge we do acquire to differentiate those instances in which pessimism is warranted from those in which we are, justifiably, optimistic” (Kitcher, 1993, 140).

⁶⁰ “Science provides us with a picture of how we relate to the bits of tooth, bone and shell [nature]. That picture proposes that our beliefs are generated and supported through complex causal interactions with teeth, bones and shells” (Kitcher, 1993, 154). “Unless we are quite wrong about the simple (Lockean) idea that we interact with something independent of ourselves, then to the extent that references of our terms are fixed through causal interactions, it is hard to see how we could not be referentially successful” (Kitcher, 1993,

they are “true”, “corroborated”, “well confirmed” or otherwise justifiable within the framework of contemporary epistemology (Laudan, 1977, 14).

Con relación al progreso explicativo y al progreso conceptual, y de manera paralela con Kitcher, Laudan reconoce que hay dos tipos de problemas en la ciencia: los problemas empíricos y los problemas conceptuales. Tanto los problemas empíricos como los problemas conceptuales poseen grados de importancia distintos de acuerdo a la disciplina científica que los está considerando en un momento particular.

Los problemas empíricos

Laudan define lo que es un problema empírico como “anything about the natural world which strikes us as odd, or otherwise in need of explanation” (Laudan, 1977, 15). “Empirical problems are first order problems; they are substantive questions about the objects which constitute the domain of any given science” (Laudan, 1977, 15). Con el propósito de no dar a entender que resolver un problema empírico es lo mismo que proveer una explicación, Laudan establece una diferencia entre los problemas y su solución, y los hechos y su explicación. “In sum, a fact only becomes a problem when it is treated and recognized as such; facts, on the other hand, are facts, whether they are ever recognized. The only kind of facts which can possibly count as problems are known facts” (Laudan, 1977, 16). Sin embargo, aclara que no todo hecho conocido representa un problema. Para que se considere como un problema empírico, debe haber un sentimiento de necesidad de ser resuelto.

Según Laudan hay tres clases de problema empírico dependiendo de la función que posee el problema en la evaluación de la teoría:

- (1) unsolved problems- those empirical problems which have not yet adequately solved by any theory;
- (2) solved problems- those empirical problems which have been adequately solved by a theory;
- (3) anomalous problems- those empirical problems which a particular theory has not solved, but which one or more of its competitors have” (Laudan, 1977, 17).

De acuerdo con estas definiciones los problemas resueltos abonan en favor de la teoría, los problemas anómalos constituyen evidencia en contra de la teoría y los problemas sin

resolver simplemente apuntan hacia programas de investigación futuros. Alega Laudan que “one of the hallmarks of scientific progress is the transformation of anomalous and unsolved empirical problems into solved ones” (Laudan, 1977, 18).

Los problemas empíricos sin resolver

En cuanto a los problemas sin resolver, Laudan plantea que sólo se les considera como problemas genuinos cuando no permanecen sin resolver porque hay una teoría que los ha resuelto. Mientras no ocurre esto se les considera como problemas potenciales solamente. La razón para esto resulta del hecho de que primero tienen que ser autenticados en el sentido de asegurar que el efecto del cual se habla en realidad se da. Además, una vez han sido autenticados podría resultar difícil decidir a qué dominio pertenecen. No es sino hasta el momento en que una teoría los reconoce como parte de su dominio y es capaz de dar cuenta de él que el problema adquiere sentido en el ámbito de la ciencia. El único indicador confiable para decidir si un problema en específico cae dentro del ámbito de una teoría antes de que la teoría lo resuelva es examinar si el problema ha sido ya resuelto por otras teorías competidoras. En general, al evaluar los méritos de una teoría, la clase de problemas no resueltos es irrelevante. Lo que importa en este caso para propósitos de evaluación de una teoría es si el problema ya ha sido resuelto por alguna teoría, no necesariamente la que se evalúa.

Los problemas empíricos resueltos

De acuerdo con Laudan “any theory, T, can be regarded as having solved an empirical problem, if T functions (significantly) in any schema of inference whose conclusion is a statement of the problem (Laudan, 1977, 25). Para él “one need not, and scientists generally do not, consider matters of truth and falsity when determining whether a theory does or does not solve a particular empirical problem” (Laudan, 1977, 24).

Un aspecto importante acerca de los problemas resueltos que advierte Laudan es que frecuentemente la solución a ellos es de carácter temporero. Lo que una generación de científicos acepta como una solución adecuada a un problema puede representar una solución inadecuada para otra generación de científicos. En general, ocurre que los científicos, a medida que pasa el tiempo, se tornan más exigentes con una teoría a la hora

de decidir si la solución que da a sus problemas es adecuada. Esto indica que los criterios de aceptabilidad de soluciones a problemas evoluciona con el tiempo.

Los problemas empíricos anómalos

En cuanto a las anomalías Laudan comenta que éstas arrojan dudas sobre las teorías en las cuales este tipo de problema se presenta. Sin embargo, advierte que esto no implica que una teoría se debe abandonar necesariamente cuando surgen. La clase más común de anomalía es la que se da en el seno de una teoría, por ejemplo, cuando surge una inconsistencia entre la teoría y lo observado. Sin embargo, Laudan extiende el concepto de anomalía para incluir los casos en que una teoría “although not inconsistent with observational results, is nonetheless incapable of explaining or solving those results (which have been solved by a competitor theory)” (Laudan, 1977, 29). “Whenever an empirical problem, *p*, has been solved by any theory, then *p* thereafter constitutes an anomaly for every theory in the relevant domain which does not also solve *p*” (Laudan, 1977, 29).

Como a la hora de evaluar una teoría, algunos problemas resueltos tienen más peso que otros, y a su vez algunas anomalías presentan una amenaza mayor que otras, es importante establecer un criterio de evaluación de la importancia o peso que tienen los problemas a favor o en contra de una teoría. Laudan ofrece algunos criterios para esto pero advierte que su propuesta no agota los posibles modos de adjudicación racional de importancia a los problemas. Es importante indicar que sólo en dominios en los que ya se tiene al menos una teoría es que se puede adjudicar algún grado de importancia a los problemas. Los criterios que propone Laudan son los siguientes:

- 1) Inflación de un problema por su solución- la solución de un problema por parte una teoría que cubre cierto dominio establece la exigencia a las otras teorías del dominio a resolverlo también.
- 2) Inflación de un problema por solución de una anomalía- la solución por parte de una teoría de una anomalía que ha resistido a varias teorías dentro de un cierto dominio convierte a la solución en un argumento fuerte en su favor.
- 3) Inflación de un problema por construcción de arquetipo- cuando algún tipo de situación empírica es catalogada por una teoría como un proceso natural al que

otros procesos deben reducirse, las soluciones que se den en este contexto adquieren importancia.

- 4) Adjudicación de importancia por generalidad- un problema de carácter general (que abarca en su seno más casos que otro) adquiere importancia relativa con respecto a otros más particulares⁶¹.
- 5) Desinflación de un problema por disolución- cuando los científicos cambian de parecer acerca de lo que ocurre en la naturaleza puede ser que la importancia o relevancia que posea algún problema en un cierto dominio disminuya considerablemente.
- 6) Desinflación de un problema debido a la modificación de un dominio- cuando un problema que se consideraba como perteneciente a un cierto dominio es expropiado por otra teoría que se ha desarrollado de tal manera que puede asimilarlo dentro de su dominio.
- 7) Desinflación de un problema debido a la modificación de un arquetipo- cuando una teoría es abandonada los arquetipos de solución que la teoría consideraba pueden perder su importancia.

A la hora de evaluar la importancia de las anomalías es importante tener un criterio de la magnitud de la amenaza que representa la anomalía para la teoría. De acuerdo con Laudan, dicha importancia depende en gran medida del grado de competitividad entre las teorías que cubren el mismo dominio y puede variar enormemente de acuerdo con la época y las circunstancias. Un criterio un poco más objetivo consiste en comparar los grados de discrepancia entre lo observado y lo que las teorías predicen. En caso de no existir una teoría alternativa que pueda dar cuenta de los datos, las discrepancias entre lo observado y lo que la teoría predice se aceptan o se descartan de acuerdo con los criterios convencionales de precisión teóricos y experimentales asociados con la teoría. Otro criterio importante lo es el tiempo que ha permanecido la anomalía sin resolverse. En este caso sólo el tiempo y el esfuerzo infructuoso de los científicos determinarán si la teoría es incapaz de resolver la anomalía.

⁶¹ “... if we can show for any two problems p' and p , that any solution to p' must also constitute a solution for

Los problemas conceptuales

Laudan considera que los problemas conceptuales se encuentran a un nivel diferente que los problemas empíricos⁶². Este tipo de problema se da cuando surgen dificultades que no son de tipo empírico, sino más bien debidas a inconsistencias entre los conceptos que una teoría plantea y otros conceptos que tanto pueden ser parte de un cuerpo de conocimientos aceptado (externo a la teoría) como también lo pueden ser de la misma teoría. Conceptual problems arise for a theory, T, in one of two ways:

- 1) When T exhibits certain internal inconsistencies, or when its basic categories of analysis are vague and unclear; these are internal conceptual problems.
- 2) When T is in conflict with another theory or doctrine, T', which proponents of T believe to be rationally well founded; these are external conceptual problems (Laudan, 1977, 48).

Los problemas conceptuales internos

Los problemas conceptuales internos surgen al descubrirse que una cierta teoría es lógicamente inconsistente, y por lo tanto, autocontradictoria. A menos que los seguidores de dicha teoría estén dispuestos a abandonar las reglas de inferencia que llevaron al descubrimiento de la inconsistencia o sean capaces de resolver la inconsistencia, la única respuesta al problema es la de rehusar la aceptación de la teoría hasta que sea resuelta la inconsistencia.

Otro tipo de problema conceptual interno es la ambigüedad o la circularidad de un concepto. En este caso el problema es más bien de magnitud que de tipo. Algún grado de ambigüedad es muy probablemente no eliminable con excepción de las teorías axiomatizadas más rigurosas. Sin embargo, aunque en estos casos puede ser positivo a la hora de aplicar la teoría a ámbitos más amplios de la naturaleza, es importante aclarar que una de las maneras más importantes de cómo la ciencia progresa es mediante la clarificación y especificación del significado de los conceptos. Aún más, muchas revoluciones científicas importantes han surgido luego del reconocimiento y una

p (but not viceversa) then p' is more general, and thus of greater weight than p" (Laudan, 1977, 35).

⁶² "If empirical problems are first order questions about substantive entities in some domain, conceptual problems are higher order questions about the well-foundedness of the conceptual structures (e.g. theories) which have been devised to answer the first order questions" (Laudan, 1977, 48).

subsecuente disminución de la ambigüedad terminológica de las teorías de un dominio particular.

Los problemas conceptuales externos

Los problemas conceptuales externos de una teoría surgen cuando ésta entra en conflicto con otra teoría o doctrina que los mismos seguidores de la teoría reconocen como racionalmente bien fundada. De acuerdo con Laudan, existen diferentes tipos de conflicto entre una teoría y otro cuerpo de conocimiento aceptado. La relación puede ser de incompatibilidad, como cuando la solución que provee una teoría va en contra de conceptos o ideas aceptadas, o imposibilidad, como cuando dos teorías son lógicamente compatibles pero el hecho aceptar una hace a la otra inaceptable. Otra manera en que se puede generar un problema conceptual externo es cuando una teoría que se supone que refuerce lo que otra teoría plantea no lo hace sino que sólo se presenta compatible con ella⁶³. En diferentes épocas se han tenido expectativas acerca de cuáles disciplinas deben descansar o estar apoyadas por otras, pero en muchos casos la mera compatibilidad, relativa a la relevancia positiva, es vista como un revés significativo a la hora de tomar una decisión sobre la aceptación de la teoría considerada.

La fuente de problemas conceptuales

De acuerdo con Laudan son tres las clases de fuentes de los problemas conceptuales:

- 1) cases where two scientific theories from different domains are in tension;
- 2) cases where a scientific theory is in conflict with the methodological theories of the relevant scientific community; and
- 3) cases where a scientific theory is in conflict with any component of the prevalent world view (Laudan, 1977, 55).

En cuanto a la primera, Laudan propone que si dos teorías son inconsistentes o mutuamente excluyentes, existe un presentimiento fuerte de que al menos una de las dos teorías debe abandonarse, donde la decisión de abandonar alguna de las dos involucra

⁶³ “The various scientific disciplines and domains are never completely independent of one another. At any given epoch, there are hierarchical systems of interconnections between the various sciences which condition the rational expectations which scientists have when they appraise theories” (Laudan, 1977, 53).

frecuentemente el propósito de desarrollar una alternativa adecuada para la teoría que se descarta. Sin embargo, Laudan aclara que cuando surge alguna inconsistencia entre dos teorías dicha inconsistencia le crea un problema conceptual a ambas teorías. También dice que la inconsistencia entre dos teorías no necesariamente obliga a los científicos a abandonar una o las dos teorías. Así como es racional a veces mantener una teoría a la luz de evidencia anómala, puede ser racional la decisión de mantener una teoría en particular a la luz de inconsistencias entre dicha teoría y otra.

En cuanto a la segunda, advierte Laudan que cada época exhibe uno o más conjuntos de puntos de vista acerca de cómo la ciencia debe ejecutarse, acerca de lo que se considera una explicación aceptable, acerca del uso de controles experimentales, etcétera.

These norms, which a scientist brings to bear in his assessment of theories, have been perhaps the single major source for most of the controversies in the history of science, and for the generation of many of the most acute conceptual problems with which scientists have had to cope (Laudan, 1977, 58).

La eliminación de este tipo de incompatibilidad entre una teoría y la metodología relevante constituye una de las maneras en que una teoría puede mejorar su estado cognitivo.

En cuanto a la tercera, algunos problemas conceptuales pueden surgir como consecuencia de una teoría que entra en conflicto con algún cuerpo de conocimiento no científico aceptado.

El progreso asociado a THM

Tomando como punto de partida en el desarrollo del conocimiento acerca de la genética a THM podemos comenzar mencionando que el planteamiento del problema por parte de Mendel representa un caso de progreso erotético. De acuerdo con Dunn⁶⁴, el trabajo de Mendel ilustra la importancia de poderse plantear las preguntas apropiadas en una investigación científica. En este caso Mendel dejó claro el objetivo de la investigación de investigar las proporciones en que se manifestaban las características en los organismos híbridos. En el caso en cuestión se ve como la pregunta que se hace Mendel se puede abordar con los métodos y conceptos que son parte del cuerpo de conocimientos disponible.

⁶⁴ “Mendel’s paper illustrates the crucial importance, in a scientific inquiry, of the proper framing of questions at issue, what Germans writers call the “Fragestellung”” (Dunn, 1991, 6).

Dunn menciona un gran número de ejemplos⁶⁵ en los cuales el problema de la hibridación había sido abordado en el pasado pero muestra cómo en el caso de Mendel la pregunta adecuada hecha en el contexto existente lleva a la realización de un episodio de progreso.

En el trabajo de Mendel podemos encontrar otros dos episodios principales de progreso. El primero se asocia a la caracterización de los organismos en términos de rasgos separados (mosaico de características). Esto representa un caso de progreso conceptual ya que permitió que se estableciera la base conceptual para la metodología asociada al problema de investigar las proporciones en las que aparecen combinadas las características en la progenie. El segundo episodio de progreso se relaciona con la manera en que Mendel logra por primera vez en la historia dar cuenta de manera significativa del fenómeno de la herencia en términos descriptivos estadísticos. Con el mecanismo considerado en THM fundamentado en los principios de segregación y recombinación, y la formación de las células gaméticas Mendel logra dar una explicación a las proporciones fenotípicas.

En términos de las técnicas y los instrumentos experimentales, Mendel sólo utiliza las que ya eran utilizadas por los hibridistas. En este sentido el progreso relacionado a estas está asociado más bien a la tradición experimentalista de los hibridistas. En términos del progreso asociado a las afirmaciones que se aceptan, la teoría planteada en el trabajo de Mendel contiene el modelo mediante el cual se establecen cuáles son las mismas. Específicamente las que tienen que ver con el modelo del organismo como mosaico de características y las que se representan en las leyes de la teoría. El problema con el progreso asociado a estas afirmaciones que de acuerdo con el criterio de Kitcher representan verdades significativas radica en el hecho de que al momento de ser propuestas sólo Mendel las había aceptado. Pasaron aproximadamente treinta y cinco años antes de que comenzaran a ser aceptadas por la comunidad científica.

Desde el punto de vista del modelo de progreso de Laudan, y de acuerdo con lo discutido en esta sección, el progreso en THM consistió en lograr dar cuenta o explicar las

⁶⁵ Dunn menciona los siguientes casos en los que a pesar de trabajar con híbridos el tipo de pregunta hecha impidió el progreso, al menos en la dirección en que Mendel lo logró: en la década de 1820 T. A. Knight, William Herbert, Alexander Seton, Augustin Sageret y John Goss, en la década de 1830 Karl Gaertner, en la década de 1860 Charles Naudin, y entre 1868 y 1872 Thomas Laxton (Dunn, 1991, 28-31). “The nineteenth century biologists, except Mendel and the “rediscoverers,” did not begin to solve the problem of transmission because they failed to recognize its real nature or even its importance. It was only when some biologists were willing to put aside the intractable problem of development that the problem was analyzed and solved” (Dunn, 1991, 48).

proporciones observadas de los cruces en la progenie. Esto fue posible mediante el diseño experimental gracias a que Mendel se basó en una visión distinta del organismo a la que se tenía aceptada. Ver al individuo como un conjunto de características independientes fue fundamental para que Mendel diseñara el experimento en torno a *Pisum*. En términos del experimento que realizó podemos decir que se dio un episodio de progreso metodológico en cierta medida ya que la pregunta que se hace acerca de investigar las proporciones en la progenie, la cual no se había hecho antes, le permitió lograr la explicación de las mismas.

Una vez planteada THM quedaron dos problemas fundamentales abiertos. Ambos eran de tipo conceptual. El primero fue el de aclarar el concepto de ‘elemento’ causante de una característica. El segundo fue el de lograr explicar las proporciones que diferían de las que Mendel había reportado en su trabajo. En cuanto al segundo, se necesitó el desarrollo de la teoría mendeliana para que se fuera avanzando gradualmente.

El progreso asociado a TMH

En el capítulo II se mencionó como la distinción entre una característica y el factor que la causa resultó ser un factor determinante en el desarrollo del conocimiento acerca de la genética. A pesar de que la confusión se disipó de manera gradual, aún después de que Johanssen estableciera la distinción entre ‘fenotipo’ y ‘genotipo’, el establecimiento de dicha distinción representa un ejemplo de un caso de progreso conceptual y también representa el primer paso para reconocer que existe una entidad diferente a la característica que debe ser investigada. Así, el concepto de ‘gen’ comenzó a aclararse.

Relacionado con la tarea de aclarar el concepto de ‘gen’ se dieron varios episodios de progreso de diferente tipo. Podemos asociar a esta tarea la demostración por parte de W. E. Castle en 1909 de que los genes sólo se modifican por medio de mutaciones. Esto iba en contra de la idea de algunos biólogos de la época en el sentido de que pensaban que los genes podían interactuar en el organismo y modificarse de algún modo. Este episodio de progreso es fundamentalmente de tipo conceptual.

En términos aclarar el mecanismo de transmisión de los genes, resultó de fundamental importancia introducir el concepto de ‘parejas de genes alelos’. Esto representa un episodio de progreso fundamentalmente de tipo conceptual. El descubrimiento, a través de los resultados de las proporciones observadas en la progenie,

del fenómeno de 'ligadura de genes' fue un hecho que se puede considerar como un episodio de progreso conceptual relacionado con la clarificación del concepto de 'gen'. Sin embargo, con relación a esto se pueden mencionar dos cosas fundamentales. Primero, que esto representa un caso de progreso fundamentalmente explicativo. Este concepto contribuyó a que se pudieran explicar otras proporciones además de las que había reportado Mendel. Segundo, que a pesar de que por un lado este hecho contribuía a ampliar el repertorio explicativo de TMH, la observación de que algunos resultados sugerían que la ligadura es solamente parcial hizo que se dudara de la teoría cromosómica en el sentido de que esta planteaba que los genes se encuentran localizados en los cromosomas. Como todavía no se conocía el fenómeno de sobrecruzamiento, no se podía aún establecer la relación entre dicho planteamiento y el concepto de 'genes ligados'.

Otro episodio de progreso asociado a la clarificación del concepto de 'gen' que se dio durante la primera década del siglo XX fue el de descubrir que los genes no necesariamente actúan de manera individual sino que pueden hacerlo controlando varios genes un rasgo en particular. Más tarde se descubrió que también puede ocurrir que un solo gen controle un grupo de características. Al igual que el concepto de 'genes ligados', este concepto de 'grupos de genes' que causan 'grupos de características' contribuyó a ampliar el repertorio explicativo de la teoría y por tal razón el episodio de progreso asociado a él es fundamentalmente de tipo explicativo.

En términos de las técnicas experimentales y los instrumentos se puede decir que no hubo ninguna adición fundamental al repertorio. Las técnicas experimentales que se utilizaban seguían siendo las técnicas de cruce y análisis estadístico de las características. En este sentido el progreso consistió en reunir la información acerca de los cruces de muchas variedades diferentes de organismos. Aquí fue que se comenzaron a darse cuenta que las proporciones reportadas por Mendel no siempre se daban.

En términos de las afirmaciones que se aceptan, a la teoría mendeliana se le asocia un progreso considerable. Las afirmaciones relacionadas con las modificaciones que se hicieron al concepto de gen, el desarrollo de conceptos fundamentales relacionados con el gen, y la manera en que se transmite representan progreso en términos de las afirmaciones que se aceptan.

Desde el punto de vista del modelo de progreso de Laudan podemos decir que, al igual que en el caso de Kitcher, la contribución fundamental de TMH, durante sus primeros años, fue la de aclarar en gran medida el concepto de 'gen'. En este sentido ayudó a resolver un problema conceptual sumamente importante para el desarrollo del conocimiento acerca de la genética. Desde el momento en que comienza a aclararse la diferencia entre la característica y el factor que la causa, comienza la teoría a ampliar el repertorio explicativo. A medida que pasa el tiempo se van introduciendo conceptos e ideas asociadas al gen. La idea del gen que sólo puede alterarse a través de una mutación, la idea de que grupos de genes pueden actuar para controlar grupos de características, y los conceptos de 'genes ligados' y 'alelomorfos', todos fueron episodios de progreso asociados al problema conceptual del gen.

El progreso asociado a TCH

Antes de comenzar a discutir el progreso asociado a TCH es importante mencionar que fue fundamental el conocimiento que había desarrollado ya la citología para la realización por parte de la genética del salto de TMH a TCH. Esto es así ya que muchas de las caracterizaciones de los procesos celulares sirvieron para relacionar los hechos relacionados con la genética que pertenecían a la citología y al mendelismo de manera separada.

El planteamiento de la primera teoría cromosómica⁶⁶ relacionada a la herencia se atribuye a Walter Sutton a principios en 1903. Dicha teoría se fundamentaba en observaciones citológicas e interpretación. Uno de los postulados de la teoría dice que los genes son parte de los cromosomas. La teoría no fue aceptada inmediatamente y en este sentido, al igual que en el caso de Mendel, el progreso tuvo que esperar unos años hasta que se aceptara la afirmación de que los genes se encuentran en los cromosomas. La primera evidencia de que los genes se encuentran en los cromosomas provino de los estudios de Carl Correns cuyos resultados fueron reportados en 1907. Dichos experimentos estaban destinados al investigar la relación entre la determinación del sexo en los organismos y la herencia. Otros biólogos realizaron más experimentos relacionados con este fenómeno y aportaron mucha evidencia en favor de la hipótesis. A pesar de que esto representa un

⁶⁶ *The Chromosomes in Herdity* apareció publicada en *The Biological Bulletin* en abril de 1903.

episodio de progreso conceptual fundamentalmente, representa además en bastante medida un episodio de progreso explicativo ya que provee el fundamento para dar cuenta del fenómeno de la herencia a otro nivel, el que se asocia a TCH.

Un episodio de progreso importante asociado a TCH fue la incorporación a la genética de las técnicas de estudio de mutaciones en las que se utilizaban aparatos que producían cantidades considerables de rayos X para producir mutaciones y lograr un acercamiento diferente al problema de la herencia. El principal estudioso del fenómeno durante la época fue H. J. Müller que trabajaba con el grupo *Drosophila* compuesto por T. H. Morgan, A. H. Sturtevant y Carl Bridges. Esto representa un ejemplo de progreso metodológico en el sentido de que se logran añadir instrumentos y técnicas nuevas a las existentes que consisten en examinar el resultado de los cruces. El descubrimiento de la manera en que la radiación altera los genes fue fundamental para que se desarrollaran técnicas asociadas mediante las cuales se podía acelerar la frecuencia de las mutaciones aplicando radiación.

Otro episodio de progreso importante se dio con la incorporación en la teoría del fenómeno de sobrecruzamiento entre cromosomas homólogos. Esto representa progreso en varios sentidos. Primero, incorpora un nuevo concepto asociado al término ‘sobrecruzamiento’ (progreso conceptual). Segundo, en términos explicativos ya que permite dar cuenta del fenómeno de ‘ligadura parcial’ y permite también explicar y predecir⁶⁷ de manera más exacta los resultados acerca de las proporciones de los cruces. Finalmente representa progreso conceptual y metodológico en el sentido de que permite la construcción de mapas cromosómicos a base de las proporciones observadas en los cruces.

En términos de las afirmaciones que se aceptan, hubo mucho progreso asociado a TCH. La idea fundamental de que los genes se encuentran en los cromosomas se aceptó de manera gradual, pero una vez aceptada resultó ser fundamental para lograr los demás tipos de progreso. Otra afirmación fundamental es la asociada al fenómeno de sobrecruzamiento. La ley acerca del sobrecruzamiento entre cromosomas homólogos fue la que finalmente permitió que se pudiera dar cuenta de todas las proporciones observadas arrojando luz

⁶⁷ Me concedo mencionar que este aspecto no lo considera Kitcher, ya que sólo habla de progreso explicativo y no de progreso predictivo. La capacidad de explicación no necesariamente implica capacidad de predicción, por ejemplo, TCH logra dar una explicación en el nivel individual de las características de un organismo pero no una predicción. La predicción en este caso sólo se logra de manera estadística según ya hemos visto.

sobre la manera en que los genes parecían transmitirse de manera parcialmente ligada. El postular el fenómeno de sobrecruzamiento a los científicos plantearse una serie de preguntas de tipo conceptual y metodológicas acerca de los cromosomas que permite la construcción de mapas genéticos de los mimos. Esto representa un caso de progreso conceptual, explicativo, predictivo y metodológico.

Desde el punto de vista del modelo de progreso de Laudan, TCH logró un adelanto importante y radical ayudando a aclarar el concepto de 'gen'. Esto lo logra al postular la ubicación de los genes en los cromosomas. El saber donde están localizados los genes con mayor precisión permite reconocer la estructura del organismo sobre la que se deben concentrar las investigaciones. Junto con el descubrimiento del fenómeno de sobrecruzamiento, esto permitió que más tarde se pudieran construir mapas genéticos, dándose así un episodio de progreso empírico y metodológico.

Cabe mencionar que la idea de los genes localizados en los cromosomas no fue aceptada en sus comienzos. La razón para esto es que presentaba problemas conceptuales externos con otras teorías asociadas a otras disciplinas e incluso con algunas teorías que eran genéticas. No fue sino hasta que Morgan presenta su teoría del gen y la evidencia que la respalda que se logra un cambio en la actitud científica de la época hacia TCH. Aún así el convencimiento de los científicos fue gradual.

El progreso asociado a TBH

De acuerdo con Dunn el final de la cuarta década del siglo XX marca el cambio de la genética clásica a la genética molecular. Menciona que puede respaldar esto con alguna evidencia⁶⁸. Podemos decir que el progreso fundamental que se dio en la biología molecular, y que dio lugar a TBH según se reconstruye en este trabajo, estuvo relacionado con dos problemas fundamentales. El primero tiene que ver con la identificación de los ácidos nucleicos⁶⁹ como material genético fundamental y el segundo con la caracterización

⁶⁸ Dunn menciona como hecho fundamental el trabajo de George Beadle relacionado con la caracterización de reacciones químicas relacionadas con la acción de los genes. Según Dunn "The new genetics (in Beadle's view) would thus be erected on the basis established by the theory of the gene". También menciona la publicación de un artículo soviético de Nikolai Koltzoff en donde el autor se plantea el problema de investigar "what kind of molecule composed the gene string ("genonema", a new term for chromosome)" (Dunn, 1991, 137).

⁶⁹ En la mayor parte de los organismos el material genético es el ADN, sin embargo en algunos organismos es el ARN.

de las estructuras bioquímicas de las macromoléculas involucradas en los procesos relacionados con la herencia y la caracterización en el nivel bioquímico de los procesos relacionados con la herencia.

Un episodio de progreso importante se dio cuando en 1944 Avery, MacLeod y McCarty demostraron que el material genético es el ADN. Asociando el ADN a los cromosomas se puede deducir la capacidad autorreplicativa de dicha molécula. Esto representó un episodio de progreso conceptual en el sentido de que le proporciona un nuevo concepto al término 'ácido nucléico' como base de la herencia y de todos sus procesos asociados. Esta identificación permite que se tome un giro en cuanto al aspecto sobre el que se deben enfatizar los estudios de la herencia, se da un cambio de las proteínas a los ácidos nucléicos.

Un paso de progreso en la dirección del problema de cómo actúan los genes se dio cuando Beadle y Tatum publicaron sus trabajos en donde planteaban la hipótesis "un gen-una enzima". Esto aclaró en cierta medida el concepto de 'gen' en términos de cómo trabajan para controlar las reacciones metabólicas del organismo. En cierto sentido esto también representa un caso de progreso explicativo ya que se da cuenta de la síntesis de proteínas como las responsables de los procesos que se dan en el organismo. Además, representó la base para que se diera el siguiente caso de progreso erotético: específicamente investigar el problema de cómo los genes que no están compuestos de proteínas sino de ácidos nucléicos pueden controlar la síntesis de proteínas. Se demostró que los genes controlan la estructura de las proteínas especificando la secuencia de aminoácidos de las cadenas de polipéptidos. Luego se modificó la hipótesis a "un gen-una proteína".

Todo esto representó un cambio en las afirmaciones que se aceptaban de una manera radical. La idea de que las proteínas son las principales responsables de los mecanismos de la herencia dio lugar a la que reconoce a los ácidos nucléicos como las sustancias principales. Esto dio lugar, a su vez, a que se enfocaran los esfuerzos en las investigaciones destinadas a investigar la naturaleza de los ácidos nucléicos. Los bioquímicos también aceptaron muchas afirmaciones que fueron producto de sus investigaciones. Los estudios que tenían como propósito las caracterizaciones de los procesos bioquímicos dieron una visión de la manera en que los componentes bioquímicos de los organismos interactúan para dar lugar a los fenómenos asociados a la vida. También,

el problema de descifrar el código genético dio lugar a la aceptación de afirmaciones acerca de la manera en que la información genética se encuentra contenida en los ácidos nucleicos. Esto permitió que se desarrollara toda una metodología mediante la cual se pudo descifrar el código genético, y más tarde establecer el problema del genoma, entre los cuales resulta de suma importancia investigar el genoma humano.

Un episodio de progreso metodológico fue el que se asocia a la introducción en la bioquímica de las técnicas de difracción de rayos X con las que se podía investigar la estructura de las macromoléculas. Esto permitió que más tarde James Watson y Francis Crick pudieran averiguar la estructura de la molécula de ADN en 1953. La determinación de dicha estructura representó un episodio de progreso en varios sentidos. Primero, en términos conceptuales porque asociaba con el ADN un nuevo concepto asociado con su estructura de doble hélice. Segundo, en términos explicativos porque daba cuenta en cierta medida del proceso de replicación. Tercero, conocer la estructura del ADN provoca el siguiente caso de progreso erotético que consiste en resolver el código genético, esto es, la manera en que la información para dirigir los procesos en el organismo se encuentran codificada en el ADN.

Una vez descifrado el código genético el problema fue investigar la manera en que los genes actúan. En este sentido se pasó al siguiente episodio de progreso erotético que consistió en investigar los procesos mediante los cuales la información pasa de ADN a proteína. En la solución del problema jugó un papel importante el concepto asociado al término 'ARN'. En este sentido se dio un episodio de progreso conceptual. Ya para mediados de la década de 1960 se había logrado la caracterización en términos bioquímicos de los procesos de replicación, transcripción y traducción.

En términos del modelo de progreso de Laudan, podemos comenzar diciendo que el mayor impedimento para el progreso de la genética en el nivel bioquímico lo fue el hecho de lo difícil que era estudiar la sustancia llamada cromatina. La razón para esto es que al principio no se había desarrollado lo suficiente la metodología y las técnicas experimentales adecuadas para resolver los problemas de caracterización de las entidades y los procesos relacionados con los fenómenos que se querían investigar. Por ejemplo, no se tenían métodos apropiados para separar a la sustancia identificada como cromatina del resto del material celular como para lograr obtener un grado suficiente de pureza que permitiera

caracterizarla bien. Así, gran parte del progreso asociado a TBH es de tipo empírico. A medida que se van resolviendo los problemas empíricos se va logrando progreso tanto conceptual como explicativo. La determinación de las estructuras primaria, secundaria y terciaria de las macromoléculas se va determinando a medida que se desarrollan las técnicas y métodos asociados al aspecto empírico de la teoría. Ejemplo de esto es la incorporación de las técnicas de cristalografía de rayos X al estudio de las estructuras terciarias de las macromoléculas. Esto permitió que Watson y Crick logaran caracterizar dicha estructura para el ADN, cumpliéndose entonces un episodio de progreso de tipo conceptual.

Otro aspecto importante asociado a TBH que se debe mencionar es el hecho de que la teoría enfrentó muchos problemas de tipo conceptual. Por ejemplo, la determinación de cuál es el material genético fue un problema que ocupó a la bioquímica durante gran parte de la primera mitad del siglo XX. También la determinación del papel que juegan los ácidos nucleicos en el fenómeno de la herencia es un ejemplo de esto. Durante un periodo de tiempo relativamente largo, luego de su descubrimiento, no se conocía exactamente su función. Aún después de haber sido identificados como el material hereditario no se sabía mucho acerca de la manera en que actuaban. Todos estos problemas conceptuales que enfrentó la bioquímica se fueron respondiendo gradualmente a medida que las técnicas y los métodos experimentales iban avanzando. Los problemas conceptuales que enfrentó la bioquímica fueron principalmente internos, por ejemplo, el de cambiar de la postura que defendía la primacía de las proteínas a la que defendía la supremacía de los ácidos nucleicos como sustancias que controlan la herencia.

De suma importancia también es mencionar un problema empírico importante que resolvió TBH. Este es el problema del código genético. Esto es, descifrar la manera en que está contenida la información genética en los organismos. El problema finalmente consistió en investigar los tripletes asociados a los diferentes aminoácidos de manera que se pudiera determinar la secuencia de proteínas que se genera a partir de una secuencia de tripletes. Aunque está fuera del contexto de este trabajo resulta importante mencionar otro problema empírico que TBH se planteó y ha estado resolviendo. Este es el problema del genoma humano o la determinación del mapa genético completo del ser humano.

Capítulo VIII: Resumen y conclusiones

Resumen y conclusiones del capítulo I

En este capítulo se examinó la filosofía de Mario Bunge en torno a dos temas, el tema de la determinación y el tema acerca de los niveles de la realidad. Se discutió el concepto de idealización de los procesos en la ciencia y su utilidad. Como metodología de investigación resulta apropiada pero se debe estar consciente de que en la realidad en los procesos entran en juego un número de factores y determinantes que pueden alterar el curso de la determinación. Se discutió el contexto en el que se utilizó el concepto de ley en este trabajo. En términos ontológicos y relacionado a lo que Bunge llama leyes₁ se encuentran (las pautas inmanentes del ser y el devenir, o, las pautas objetivas o leyes en el nivel óntico), mientras que en términos epistemológicos se encuentran las reconstrucciones conceptuales de las primeras, las que Bunge llama leyes₂ (leyes científicas o leyes en el nivel epistemológico). En este trabajo se utilizó fundamentalmente el sentido de leyes₂.

En cuanto al concepto de 'niveles de la realidad' Bunge plantea que existe una estratificación de la realidad compuesta de diferentes niveles ontológicos, donde cada nivel posee una propiedades y leyes particulares independientes de las de los demás. Plantea que los niveles principales son el físico, el biológico, el psicológico y el sociocultural pero advierte que cada nivel puede considerarse compuesto de otros subniveles. Bunge alega que los niveles superiores arraigan en los inferiores en el sentido de que dependen de ellos para su subsistencia. Sin embargo, en términos de la determinación es poca la influencia que los niveles tienen entre sí, (los niveles son relativamente independientes entre sí). A pesar de esto, se debe tener en cuenta que puede haber influencia de un nivel sobre otro y en este sentido si se quiere considerar la influencia de otros niveles, de acuerdo con Bunge, se deben considerar los niveles contiguos.

Se examinó el concepto de 'niveles de la realidad' de Bunge y se criticó en torno a que la manera en que los niveles arraigan sobre otros más fundamentales no puede fundamentarse tan sólo en el tipo de entidades que componen los distintos niveles sino que se debe considerar también a las leyes que rigen en los distintos niveles. Esto es algo que no se puede determinar a priori ya que, en primer lugar depende de la perspectiva desde la cual se considere, y en segundo lugar depende del desarrollo del conocimiento.

También se consideró la definición de Bunge de 'nivel de la realidad' y se comentó que el reclamo en la definición es de carácter ontológico y se advirtió sobre la necesidad de establecer la contraparte epistemológica del concepto. Se discutieron los problemas principales que surgen al momento de establecer la unidad de análisis de la actividad científica relativa a los niveles de la realidad y se concluyó que no existen criterios absolutos para lograr solucionar muchos de estos problemas. Se propuso un concepto de 'niveles de la realidad en términos epistemológicos' que resulta más apropiado para caracterizar y dar cuenta de la actividad científica que el que Bunge plantea por ser más en consonancia con la filosofía de la ciencia contemporánea. El concepto de 'nivel de la realidad en términos epistemológicos' se relacionó al modelo que construye una cierta disciplina para dar cuenta de un nivel particular de la realidad. Para llevar a cabo el análisis se identificaron los niveles de la realidad con cada una de las disciplinas que se encargan de estudiarlos. Así, el concepto de 'disciplina' se consideró como constituido de: un objeto de estudio (base ontológica), un conjunto de problemas principales relacionados con un aspecto de la realidad que se consideran solubles por una comunidad de expertos, un modelo teórico que intenta dar cuenta del aspecto de la realidad considerado y que incluye algunas leyes científicas, y un conjunto de técnicas y procedimientos metodológicos que se aplican para resolver los problemas que se intentan resolver.

Con relación al planteamiento bungeano en el sentido de que los diferentes niveles de la realidad son independientes, o al menos casi independientes, habría que investigar en qué sentido se alega dicha independencia. Sin embargo, en el caso estudiado se vio que la influencia que tiene el nivel bioquímico sobre los niveles superiores, incluso el nivel fenomenológico. Todo lo que se da en el nivel bioquímico no sólo influye sino que tiene un efecto determinante fuerte en otros niveles.

Resumen y conclusiones de los capítulos II y III

En estos capítulos se incluyeron algunos de los episodios históricos más importantes que representaron episodios de progreso en la genética, de acuerdo con los criterios de progreso de Kitcher y Laudan que se discutieron en el capítulo VII. En el capítulo II se incluyeron los aspectos históricos que consideré más importantes relacionados con el desarrollo de la genética clásica, comenzando con el trabajo de Mendel mencionando los

episodios de progreso asociados a la genética mendeliana y concluyendo con los episodios de progreso asociados a la genética cromosómica. El periodo cubierto es aproximadamente de 1865 a 1930. En el capítulo III se incluyeron los aspectos históricos relacionados con los episodios de progreso asociados a la bioquímica de la herencia. El periodo cubierto en este caso es aproximadamente de 1869 a 1965.

Resumen y conclusiones del capítulo IV

En este capítulo se presentan las reconstrucciones modelo-teóricas en términos conjuntistas de las teorías de la genética consideradas. Antes de pasar a las reconstrucciones se plantearon los argumentos por los cuales se recurrió a una interpretación semántica de las teorías. Fundamentalmente considero la misma más apropiada que la interpretación sintáctica para dar cuenta de los aspectos relacionados con la actividad científica.

Se expuso el modelo nomológico-deductivo de Hempel, considerado como el modelo fundamentado en la interpretación sintáctica de las teorías más aceptado. Se discutieron las dificultades que surgen al adoptar una postura enunciativista basada en una interpretación sintáctica. El primer problema se presenta al definir teoría como ‘conjunto de axiomas’ ya que en principio pueden haber axiomatizaciones alternas a una misma teoría. También la interpretación sintáctica enfrenta problemas con su modelo enunciativista en el sentido de que es demasiado rígido para permitir la reconstrucción de algunos de los aspectos asociados a la actividad científica. Por ejemplo, dicha interpretación coloca a todos los axiomas de la teoría al mismo nivel (en este caso lógico), cosa que en la ciencia es raro ya que por lo general los científicos le dan más énfasis a algunas leyes que a otras en muchos sentidos, por ejemplo, en términos de la contrastación. En general, la interpretación sintáctica de las teorías resulta ser un instrumento poco adecuado para dar cuenta de toda la evolución que se da relativa a la actividad científica asociada a una disciplina ya que presenta a las teorías como producto terminado. Esto impide que se pueda reconstruir la actividad científica mediante la cual se van dando los cambios graduales en el conocimiento ya que no se considera ese tipo de cambio. En general, la interpretación semántica de las teorías proporciona un instrumento más propicio para el análisis de la actividad científica por ser más rica en detalle y exactitud, cosa que la hace ajustarse más a los casos históricos.

Se presentaron las reconstrucciones de la teoría de la hibridación de Mendel, de la teoría mendeliana de la herencia, de la teoría cromosómica de la herencia y de la teoría bioquímica de la herencia. Se comentó que la primera y la tercera ya habían sido reconstruidas por Casanueva (Casanueva, 2002) y Pablo Lorenzano (Lorenzano, P., 2002) respectivamente. También se comentó que César Lorenzano (Lorenzano, C., 2002) presentó una reconstrucción de la bioquímica. Sin embargo, la idea de presentar mis propias reconstrucciones obedece dos motivos. Primero, las reconstrucciones que presento se realizaron tomando en cuenta el propósito de analizar el desarrollo de la actividad científica asociada a la genética y en un sentido las mismas obedecen una estructura en la cual se trataron de representar los hechos de la manera más adecuada. Segundo, las reconstrucciones que presentan Casanueva, Pablo Lorenzano y César Lorenzano se expresan en lenguaje formal. Las reconstrucciones que presento, a pesar de utilizar en cierta medida lenguaje formal se expresan en términos de diagramas conjuntistas.

La razón por la cual se presentan las reconstrucciones de la teorías de Mendel, la mendeliana y la cromosómica, a pesar de tratarse del mismo paradigma, fue la de ilustrar lo que de acuerdo con Kuhn corresponde a la actividad asociada a la ciencia normal, en este caso de la genética clásica. Si se consideran estas tres teorías como las constituyentes del paradigma de la genética clásica resulta importante observar que el hecho de que se esté trabajando en un paradigma en particular no implica que se tenga que limitar a un nivel de la realidad, esto es, un paradigma se puede desarrollar en diferentes niveles de la realidad.

En términos de la teoría de Mendel la representación que se presenta del conjunto de los diferentes elementos E intenta reconstruir la idea que está detrás de la notación de Mendel. En esta reconstrucción la unión de dos conjuntos que poseen los mismos elementos produce el mismo conjunto, no ocurre como en el mendelismo que se representan las parejas de alelos aunque sean idénticas. Otra diferencia entre esta reconstrucción y la de Casanueva es que en esta se corren tres índices para representar los diferentes tipos de elementos, los cuales se catalogan de acuerdo con el tipo de determinación asociado a cada uno.

En cuanto a la reconstrucción de la teoría bioquímica de la herencia, esta representa un recorte de la bioquímica que reconstruye César Lorenzano (Lorenzano, C, 2002). Es la parte de la bioquímica relacionada al problema de la herencia. En este sentido sólo se

reconstruyen los aspectos más generales de la bioquímica relacionados con el problema de la herencia.

Resumen y conclusiones del capítulo V

En este capítulo se hizo un análisis de la actividad científica de descubrimiento asociada a la genética considerando dicho proceso como uno de solución de un rompecabezas donde las piezas que llenan los “agujeros” en los modelos se van colocando hasta que se completa el “panorama” de la realidad. Se añadieron los planteamientos de Bhaskar relacionados con la actividad de descubrimiento científico en la que se consideran diferentes niveles de la realidad para examinar hasta que punto se adecúan al caso de la genética. En torno al planteamiento de Kuhn en el sentido de que la actividad de solución de enigmas, dentro de la cual incluye la de solución de rompecabezas, es una que se da en el contexto de la ciencia normal, se puede mencionar que sí se cumple cuando nos limitamos a un paradigma en particular. Sin embargo, cuando consideramos la actividad científica dentro del contexto de más de un nivel de la realidad, parece ser que la actividad de rompecabezas puede estar asociada, aunque no necesariamente siempre a una revolución, según se ilustró con el caso de la bioquímica. En este trabajo se consideran a la actividad asociada a la genética clásica y a la actividad asociada a la bioquímica de la herencia como paradigmas diferentes. Hasta qué punto se reconoce que se trabaja dentro de un paradigma es algo que no está sujeto a criterios definidos.

En cuanto al desarrollo considerado se puede decir que THM dejó planteado el mecanismo fundamental que más tarde desarrollara la genética clásica. La manera en que se estructura el contenido de elementos de las células polen y células huevo G_1 a base del conjunto de elementos de cada individuo reconstruye el proceso de segregación, mientras que la función ψ reconstruye el proceso de recombinación de elementos que da lugar al conjunto de elementos del nuevo individuo. La ley causal representada por la función σ estipula una determinación única de acuerdo al contenido de elementos de un individuo, sin embargo, por el hecho de que la determinación en THM depende también de los procesos de segregación y recombinación, los cuales son estadísticos, la determinación general resulta estadística. Es importante aclarar que aunque no fuera el caso que dependiera de este tipo de procesos, se necesitaría investigar acerca de la naturaleza de los elementos y

conocer las características que afectan y la manera en que lo hacen para lograr la predicción en el nivel individual.

El trabajo del mendelismo fundamentalmente fue uno de ciencia normal. Se encargó de aclarar el concepto de factor responsable de una característica y de corregir algunos de los planteamientos de Mendel, como por ejemplo, que los factores se transmiten en grupos ligados y que los genes no necesariamente actúan individualmente para producir características individuales. Un aspecto importante que se debe mencionar es que en la base de contrastación de una teoría pueden haber huecos que pueden ser llenados por una teoría distinta, como lo fue el caso de la citología que llenó muchos de los huecos de la base de contrastación de TMH.

Al establecer que los factores responsables de las características se encuentran localizados linealmente a lo largo de los cromosomas TCH logró dar cuenta del proceso de fusión de factores responsables de las características del nuevo individuo. Con esta hipótesis TCH también dio cuenta del concepto de 'genes ligados'. Relacionado con esto el enigma de la ligadura parcial de genes fue resuelto por TCH al considerar el fenómeno de sobrecruzamiento entre cromosomas homólogos. Por otro lado, el plantear que los genes se encuentran en los cromosomas trae el problema de la duplicación de cromosomas a la genética. El haber establecido la estructura de los cromosomas en términos de genes llenó un hueco importante en TMH relacionado con la manera en que están organizados los genes en las células gaméticas.

En cuanto a TBH, es importante hacer énfasis en el hecho de que se considera como un paradigma diferente al de la genética clásica. Además representa un salto del nivel citológico-mendeliano al nivel bioquímico. Los huecos que llenó la bioquímica son fundamentalmente descriptivos, específicamente las leyes que se presentan son de tipo de autodeterminación. En ellas sólo se presentan las descripciones de los procesos sin aludir a otros determinantes que den cuenta de los mismos. La principal contribución de TBH radica en la caracterización en términos de bioquímicos de las estructuras de los ácidos nucleicos y las proteínas, y de los procesos de replicación del ADN, de transcripción de ADN en ARNh, de maduración del ARNh en ARNm y de traducción de la información contenida en el ARNm para sintetizar las proteínas.

En términos de los niveles de la realidad podemos notar de manera general que en los dos casos en que parece haber un salto de nivel, de TMH a TCH, y de TCH a TBH (en la segunda transición más que en la primera), se generaron teorías interdisciplinarias. TCH fusionó aspectos de la genética y la citología mientras que TBH lo hizo con aspectos de la genética y la bioquímica.

Resumen y conclusiones del capítulo VI

En este capítulo se presentó el planteamiento de Bunge en torno al concepto de 'determinación'. Se presentaron los tipos de determinación que se presentan en la ciencia y la relación que tienen con la explicación. Se mencionó que además de la determinación causal existen otros tipos de determinantes en la naturaleza. Se utilizó el modelo de análisis de la determinación en los sistemas de Bunge para llevar a cabo un análisis de los tipos de determinación que encontramos en las teorías genéticas consideradas.

Con relación a las reconstrucciones de teorías en términos de diagramas conjuntistas, se mencionó el hecho de que la manera en que la teoría da cuenta de una cierta base de contrastación es a través de trayectorias alternas entre dos elementos de la parte no teórica del modelo. Una de estas trayectorias relaciona solamente términos no teóricos. La otra relaciona términos no teóricos con términos teóricos y términos teóricos con términos teóricos. Se dice que estas trayectorias son conmutativas. La manera en que la teoría relaciona la parte no teórica con la teórica es mediante unas ciertas funciones de relación que le asigna estructuras teóricas a elementos no teóricos.

En términos de la determinación se concluyó que la determinación en THM es una combinación entre la estadística (leyes de segregación y recombinación) y la causal (acción de los genes). En principio, si se conocieran las estructuras en términos de los elementos que la constituyen de la célula polen y la célula huevo que se unen para dar lugar a un nuevo individuo, se podrían predecir las características del mismo. La imposibilidad de lograrlo radica en el hecho de que la formación de la célula que es producto de la fertilización es consecuencia de que la determinación que rige en la formación de las células polen y células huevo. Entre estas no es posible determinar cuáles serán las responsables de la fertilización.

En TMH la determinación es igual que en THM, se mantienen las mismas leyes fundamentales para la explicación. Lo que cambian son las estructuraciones relacionadas con la manera en que los factores que producen las características se transmiten. Esto obedece al hecho principal de que a medida que se iban adelantando las investigaciones iban surgiendo proporciones distintas a las que Mendel había reportado. En este caso no se modificaron las leyes sino que se fue ajustando el modelo para caracterizar de manera apropiada la base de contrastación que continuamente crecía.

La estructura de TCH, aunque fundamentalmente igual que la de TMH en términos de la segregación y recombinación, añade algo sumamente práctico y es lo relacionado con el fenómeno de sobrecruzamiento entre cromosomas homólogos. El hecho de que mantiene la misma estructura en términos de segregación y recombinación puede decirse resulta del hecho de que es el mismo paradigma. La ley que caracteriza a TCH es la ley del sobrecruzamiento que estipula una probabilidad de que dos genes de un cromosoma separados por una cierta distancia terminen en cromosomas homólogos diferentes luego de uno o varios sobrecruzamientos durante la profase Ia del proceso de meiosis. Esta ley también es de tipo estadístico. Dicha ley permite relacionar la frecuencia empírica observada en el fenómeno de sobrecruzamiento interpretándola como producto de dicha probabilidad. Corrigiendo dicha frecuencia para considerar más de un sobrecruzamiento entre los mismos cromosomas homólogos se puede calcular la distancia relativa entre un cierto par de genes de un cromosoma y así construir mapas genéticos de cada uno de los cromosomas de una cierta especie.

En TBH es donde se da un cambio en el tipo de determinación. La determinación se da aquí de acuerdo con leyes de autodeterminación. Se describen los procesos mediante la interacción entre entidades bioquímicas como una secuencia de procesos. Esto ocurre, por ejemplo, con los procesos de replicación, transcripción, maduración y traducción. Aquí estas leyes sustituyen a las leyes estadísticas que se presentan en TCH. Refiriéndonos al diagrama de la figura 7, la sustitución se logra construyendo la trayectoria teórica que siguen las funciones π y ν , en lugar de las trayectorias que siguen τ y θ . Las funciones ζ , ψ y ϕ representan las descripciones de los procesos de mitosis, meiosis y fecundación a nivel bioquímico del ADN.

Resumen y conclusiones del capítulo VII

En este capítulo se llevó a cabo un análisis de la trayectoria de progreso de la genética utilizando los modelos de progreso de Kitcher y de Laudan. El primer episodio de progreso asociado a THM fue de tipo erotético. Esto, unido al episodio de progreso conceptual asociado a la interpretación de los organismos como mosaico de características, permitió que se lograra progreso explicativo al poder dar cuenta de las proporciones observadas que resultaban de los cruces. En general en THM se cumplen los siguientes criterios de progreso: conceptual, explicativo, erotético, y acerca de las afirmaciones que se aceptan. En términos metodológicos y experimentales, THM no representa progreso significativo. THM dejó abierto dos problemas conceptuales importantes: el de aclarar el concepto de elemento, y el de aclarar otros conceptos asociados a los elementos y a la manera en que estos se transmiten y actúan para generar las características.

En el caso de TMH se vio que gran parte del progreso estuvo vinculado a la tarea de clarificación del concepto de 'gen' y otros conceptos asociados al mismo. Sin embargo, el aclarar en gran medida el concepto de gen permitió que se lograra progreso explicativo en gran medida ampliando el repertorio para incluir proporciones diferentes a las que había reportado Mendel. En términos del progreso metodológico y experimental TMH aporta el hecho de haber caracterizado las proporciones de los cruces de muchas especies, un factor que fue fundamental para organizar la experiencia acerca de la naturaleza.

En el caso de TCH, al igual que en TMH, el progreso asociado fue en gran medida de tipo conceptual aclarando el concepto de 'gen'. El localizar a los genes en los cromosomas permitió que se lograra progreso metodológico al permitir que se construyeran por primera vez los mapas genéticos y se abordara el problema de las mutaciones desde otra perspectiva metodológica. Relacionado con esto último, la hipótesis acerca del sobrecruzamiento entre cromosomas homólogos fue fundamental ya que logro que se explicaran las proporciones finalmente aludiendo a un proceso que tiene su contraparte citológica. También, esto ayudó a ampliar el repertorio explicativo logrando mayor precisión tanto en la explicación como en la predicción de las proporciones asociadas a los cruces. En términos generales se cumplen los siguientes criterios de progreso de Kitcher: conceptual, explicativo, metodológico y experimental, erotético y en términos de las afirmaciones que se aceptan.

En el caso de TBH el progreso fue fundamentalmente de tipo metodológico. La razón para esto fue el hecho de que no existían técnicas experimentales apropiadas con las cuales se pudieran resolver muchos de los problemas que se planteaban. Es importante mencionar que la bioquímica resolvió su problema empírico más importante: decifrar el código genético. Las técnicas experimentales se fueron introduciendo gradualmente a medida que la bioquímica se desarrollaba. También, asociado a TBH podemos encontrar episodios de progreso de tipo conceptual, como lo fue el de aclarar la función de los ácidos nucleicos en el organismo, y de tipo explicativo, como fue el de explicar en el nivel bioquímico los procesos que se habían caracterizado ya en la citología. En términos de las afirmaciones que se aceptan, TBH logró un progreso considerable que le permitió organizar la experiencia acerca de los fenómenos relacionados con la herencia.

Los bioquímicos enfrentaron muchos problemas de tipo conceptual. Dichos problemas eran fundamentalmente internos, el progreso se retrasó debido a que muchos de los principios relacionados con los mecanismos de la herencia que adoptaron los bioquímicos estaban equivocados, por ejemplo, pensar que las proteínas contienen la información hereditaria.

Autocríticas al modelo de análisis diacrónico

Como primera autocrítica planteo que el concepto de 'disciplina' que defino enfrenta el mismo problema que enfrentan los conceptos de 'paradigma' de Kuhn, de 'programa de investigación' de Lakatos, de 'tradición de investigación' de Laudan y en general muchos de los conceptos similares que introducen los historicistas. Aunque en muchos casos es fácil establecer una línea de demarcación para definir los mismos, igual resulta difícil establecer los criterios de demarcación en muchos otros casos. Posiblemente el hecho de que las relaciones entre los elementos que componen los diferentes aspectos de la actividad científica se dan a manera de una red de interacción compleja es lo que provoca que sea difícil establecer criterios de demarcación. Si esto es así, entonces el concepto de 'disciplina' resulta adecuado para dar cuenta de dicha complejidad.

Los análisis de la actividad científica como solución de rompecabezas y de los tipos de determinación que propongo en el modelo de análisis diacrónico se ajustan a las reconstrucciones conjuntistas y en este sentido dichos análisis resultan específicos y bien

fundamentados. En específico se pueden identificar en los diagramas conjuntistas las posiciones o las regiones en donde se encuentran los huecos asociados a una teoría. En cuanto a la determinación se pueden identificar, no solamente las leyes de la teoría, sino que también se pueden hacer análisis detallados del mecanismo de determinación propuesto por la teoría.

El modelo de análisis diacrónico tiene la ventaja de ser flexible, se pueden realizar reconstrucciones modelo-teóricas con diferente grado de profundidad y detalle para atender diferentes necesidades de análisis. En este trabajo de tesis las reconstrucciones presentan los aspectos mínimos fundamentales de cada teoría. Sin embargo, no es una meta principal de este trabajo de tesis realizar un análisis muy profundo de la actividad relacionada a la genética durante el periodo considerado, sino solo aplicar las herramientas de análisis incorporadas en el modelo a esas reconstrucciones básicas.

En cuanto al análisis de la trayectoria de progreso, los modelos de Kitcher y Laudan no se ajustan de una manera tan adecuada a las reconstrucciones como los análisis de la actividad científica como huecos y de la determinación. En algunos casos se pueden asociar los episodios de progreso a regiones en las reconstrucciones pero en otros casos resulta difícil hacerlo. Por ejemplo, el progreso conceptual asociado al desarrollo del concepto de gen puede relacionarse a la introducción de nuevos elementos y relaciones entre ellos en torno al concepto de gen cuando pasamos de THM a TMH. Pero por otro lado, el progreso en términos de las afirmaciones que aceptan los científicos resulta ser más difícil de ubicar. Así puede ocurrir con muchos episodios de progreso. En este sentido sería quizá deseable en alguna medida poder formalizar, cuantificar o metrizar el concepto de progreso de manera que se pueda tener un criterio más formal.

Apéndice I: Reconstrucciones semiformales de las teorías genéticas

THM

La reconstrucción conjuntista que presento establece que un modelo de THM está descrito por una tupla de diecisiete elementos primitivos.

$$m \in M(THM) \leftrightarrow \exists^n : T, M, H, CP, CH, CF, c_h, e_h, \lambda, \varphi, \alpha, \delta, \gamma, \eta, \varepsilon, \beta, \sigma /$$

T, M, H, CP, CH, CF, c_h y E son conjuntos finitos no vacíos. Recordando el capítulo IV, T representa el tiempo, M el conjunto de machos de una generación, H el conjunto de hembras de una generación, CP el conjunto de las células polen de la población, CH el conjunto de células huevo de la población, CF el conjunto de las células que son producto de la fertilización, C_h el conjunto de las características que presentan los individuos de la especie, E el conjunto de los elementos que son causantes de las características que presentan los individuos, λ la función de tiempo que asigna a un cierto elemento del modelo una generación particular, φ la función de descendencia, α la función de descripción fenotípica, δ la función de portación de células gaméticas, γ la función de fecundación, η la función de portación de los elementos causantes de las características por parte de las células gaméticas, ε la función de desarrollo ontogénico, β la función de portación de los elementos causantes de las características por parte de un individuo y σ la función que representa la ley causal que relaciona los elementos causantes de las características con las características.

El conjunto T representa la noción de tiempo y se considera isomorfo con un segmento inicial del conjunto de los números naturales N para representar la secuencia de generaciones de los miembros de los conjuntos que componen el modelo de THM. λ es un localizador temporal que asigna a un elemento de alguno de los elementos del modelo de THM un valor asociado a su generación.

$$\lambda : T \mapsto Pot y / y = M \cup H \cup CP \cup CH \cup CF \cup C \cup E$$

La función λ es total y es en T^{70} .

El conjunto de individuos I está constituido por la unión entre el conjunto de machos M y el conjunto de hembras H .

$$I =_{def} M \cup H$$

La función φ representa la noción de descendencia de tal manera que a una pareja de individuos de la generación t_i se le asigna el conjunto de hijos de la generación t_{i+1} a que dan lugar los diferentes cruces entre ellos. El conjunto de hijos es un subconjunto del conjunto de individuos de la generación t_{i+1}

$$\varphi: (\lambda(t_i) \cap M) \times (\lambda(t_i) \cap H) \mapsto Pot(\lambda(t_{i+1}) \cap I)$$

La función φ es sobre $Pot(\lambda(t_{i+1}) \cap I)$ y es una biyección.

El conjunto de las descripciones de los individuos está constituido por elementos que tienen estructura de una tupla

$$\langle c_{1ij}, c_{2bc}, \dots, c_{nop} \rangle$$

donde cada elemento de la tupla representa una característica que exhibe el individuo. El primer subíndice representa la característica de la especie (longitud de tallo, color de la flor, forma de la semilla, etcétera), el segundo subíndice representa la característica particular que exhibe el individuo (tallo largo, tallo corto, color rojo, color blanco, semilla de superficie lisa, semilla de superficie rugosa, etcétera) y el tercer subíndice representa las diferentes gradaciones que exhibe una característica en particular (diferentes tonos de rojo, diferentes grados de estatura).

El conjunto de las descripciones de los individuos de la especie se construye con el producto cartesiano de las características de la especie c_h .

$$C =_{def} \prod_{h=1}^n c_h / c_h = \{c_{hij}\} \wedge c_h \subset C_h$$

⁷⁰ Aquí estamos considerando que la reconstrucción es acerca de un aspecto del mundo real, en este sentido suponemos que los individuos como miembros de una especie no existirán por siempre.

Sobre el conjunto C_h se puede introducir una partición donde cada clase de equivalencia contiene todas las variantes de una característica particular de la especie.

$$C_h =_{def} c_1 \cup c_2 \cup \dots \cup c_n$$

La función α le asocia a cada individuo una descripción fenotípica.

$$\alpha: \lambda(t_i) \cap I \mapsto \lambda(t_i) \cap C$$

La función α es total y es en $\lambda(t_i) \cap C$.

El conjunto hijos es un subconjunto del conjunto de individuos I de tal manera que se construye aplicando la función ϕ a una pareja de padres.

$$\phi: \lambda(t_i) \cap M \times \lambda(t_i) \cap H \mapsto \lambda(t_{i+1}) \cap I$$

$$hijos \subset I$$

La función α aplicada a cada uno de los elementos del conjunto hijos genera el conjunto de descripciones de los hijos C_{hijos} .

$$C_{hijos} =_{def} \{\alpha(z) / z \in hijos\}$$

$$C_{hijos} \subset C$$

En la base de contrastación se encuentran las proporciones con las que van apareciendo las diferentes combinaciones de las características individuales. Considerando sólo una pareja de características individuales para cada característica de la especie

$$h = n, i = 2 \exists {}^n 2^n x \in C /$$

$$\forall \langle \langle x \in C \rangle, v_w \rangle \in C \times \mathbb{N} v_w \neq 0 \wedge$$

$$\exists \langle v_1, v_2, \dots, v_{2^n} \rangle \cong \langle 3^n k, 3^{n-1} k, 3^{n-1} k, \dots, 3^{n-1} k, 3^{n-2} k, 3^{n-2} k, \dots, 3^{n-2} k, \dots \rangle / k = cte$$

El conjunto de células gaméticas C_e está constituido por la unión entre el conjunto de células de polen CP y el conjunto de células de huevo CH .

$$C_e =_{def} CP \cup CH$$

La función δ representa la noción de portación de células gaméticas por parte de un individuo de tal manera que le asigna a cada individuo I de la generación t_i un conjunto de células gaméticas Ce .

$$\delta: \lambda(t_i) \cap I \mapsto Pot(\lambda(t_i) \cap Ce)$$

La función δ es total, es sobre $Pot(\lambda(t_i) \cap Ce)$ y es una biyección.

La función γ representa la noción de fecundación entre una célula de polen CP del padre de la generación t_i y una célula de huevo CH de la madre de la generación t_i la cual da lugar a una célula producto de la fertilización CF de la generación t_{i+1} . γ le asigna a una pareja de célula polen CP y célula huevo CH una célula producto de la fertilización CF de la generación t_{i+1} que puede dar lugar a un hijo de la pareja.

$$\begin{aligned} \gamma: (\lambda(t_i) \cap CP) \times (\lambda(t_i) \cap CH) &\mapsto \lambda(t_{i+1}) \cap CF / \\ CF_{a \in \lambda(t_{i+1}) \cap I} &= \gamma(\langle CP_{b \in \lambda(t_i) \cap M}, CH_{c \in \lambda(t_i) \cap H} \rangle) \wedge \\ CP_{b \in \lambda(t_i) \cap I} \in \delta(x \in \lambda(t_i) \cap M) &\wedge CH_{c \in \lambda(t_i) \cap I} \in \delta(x \in \lambda(t_i) \cap H) \end{aligned}$$

La función γ es parcial, es sobre $\lambda(t_{i+1}) \cap CF$ y es una biyección.

La función ε representa la noción de desarrollo ontogénico de un individuo de manera que le asigna a cada célula germinal CF de la generación t_{i+1} un individuo I de la generación t_{i+1} .

$$\begin{aligned} \varepsilon: \lambda(t_i) \cap CF &\mapsto \lambda(t_i) \cap I / \\ \varepsilon \circ \gamma(\langle a \in \delta(m \in M), b \in \delta(h \in H) \rangle) &\in \varphi(\langle m, h \rangle) \end{aligned}$$

La función ε es total, es sobre $\lambda(t_i) \cap I$ y es una biyección, suponiendo que toda célula germinal que se forme se desarrolla de manera normal.

Sobre el conjunto de elementos de un individuo se puede introducir una partición donde cada clase de equivalencia se asocia a los elementos que posee el individuo para producir cierta característica de la especie.

$$E_i =_{def} \bigcup_{h=1}^n e_h / e_h = \{e_{hij}\}$$

La función β representa la noción de portación de elementos de un individuo de manera que le asigna a cada individuo I de la generación t_i un conjunto E de elementos e_{hij} .

$$\beta: \lambda(t_i) \cap I \mapsto \text{Pot}(\lambda(t_i) \cap E)$$

La función β es total y es en $\text{Pot}(\lambda(t_i) \cap E)$.

El conjunto G se puede construir tomando el producto cartesiano entre las clases de equivalencia de E .

$$G =_{\text{def}} \times_{h=1}^n e_h$$

Las descripciones de las estructuras de las células gaméticas en términos de los elementos e_{hij} que posee el individuo I de la generación t_k se obtiene mediante el producto cartesiano sobre los elementos.

$$G_i =_{\text{def}} \times_{i=1}^n e_i$$

La descripción de la estructura de una célula gamética en términos de los elementos que posee se puede representar mediante una tupla

$$\langle e_{1ij}, e_{2hk}, \dots, e_{nlm} \rangle$$

El conjunto G_i es un subconjunto del conjunto G

$$G_i \subset G$$

La función η representa la noción de portación de elementos de una célula gamética de manera que le asigna a cada célula gamética Ce de la generación t_i una descripción en términos de los elementos que posee.

$$\eta: \lambda(t_i) \cap Ce \mapsto \lambda(t_i) \cap G$$

La función η es total y es en $\lambda(t_i) \cap G$.

La función ψ representa la noción de recombinación de los elementos que es producto de la unión gamética entre una célula de polen y una célula de huevo que provienen del padre y la madre respectivamente. El conjunto E_a contiene los elementos que va a portar el nuevo individuo I perteneciente a la generación t_{i+1} . Sobre el conjunto E_a se puede introducir una partición donde cada clase de equivalencia contiene los elementos asociados a una característica de la especie.

$$\psi : (\lambda(t_i) \cap G)^2 \mapsto \lambda(t_{i+1}) \cap E_a / E_{a \in \lambda(t_{i+1}) \cap I} = \bigcup_{h=1}^n \left\{ \prod_{h=1}^n g_P \right\} \cup \bigcup_{h=1}^n \left\{ \prod_{h=1}^n g_O \right\} \wedge$$

$$g_P, g_O \in G \wedge g_P = \eta(x \in \delta(m \in M)) \wedge g_O = \eta(y \in \delta(h \in H))$$

La función ψ es total, es sobre $\lambda(t_{i+1}) \cap E_a$ y es una biyección.

La función σ representa la ley de tipo causal que relaciona un grupo de elementos a la característica asociada a ellos.

$$\sigma : (\lambda(t_i) \cap E_a) \mapsto \lambda(t_i) \cap C$$

La función σ es total y es sobre $\lambda(t_i) \cap C$.

La descripción de un individuo I de la generación t_{i+1} se puede determinar a partir del contenido de elementos de su célula germinal.

$$C_{a \in \lambda(t_i) \cap I} = \langle \sigma(E_{a \in \lambda(t_i) \cap I}) \rangle /$$

$$\neg \exists j_{max} > 1 \wedge \|e_h\| = 1 \rightarrow \sigma(e_h) = c_{hi1}$$

$$\neg \exists j_{max} > 1 \wedge \|e_h\| = 2 \rightarrow \sigma(e_h) = c_{hi1}$$

$$\exists j_{max} > 1 \wedge \|e_h\| \geq 3 \rightarrow \sigma(e_h) = c_{hij}$$

La ley fundamental de la THM establece que todas las posibles células gaméticas que posee un individuo se crean en igual número.

$$\lambda(t_i) \cap G = \prod_{h=1}^n Pot \lambda(t_i) \cap E / \prod_{N_p=1}^m G \times N = N_p \wedge \forall p \frac{N_p}{\sum_{p=1}^m N_p} = cte$$

TMH

La reconstrucción conjuntista que presento establece que un modelo de TMH está descrito por una tupla de setenta y tres elementos primitivos.

$$m \in M(TM\mathcal{H}) \leftrightarrow \exists^n : T, M, H, So, Ga, Me, Ci, Nu, Cig, C, Fec1, Fec2, Fec3, \\ Int, Pr ofT, Pr of, MetA, MetB, Ana, Tel, Seg, Mor, Dif, \\ Cre, Inte, Pr oI, Pr oIa, MetI, AnaI, TelI, IntII, Pr oII, \\ MetII, AnaII, TelII, DFec1, DFec2, DFec3, \\ DInt, D Pr ofT, D Pr of, D MetA, D MetB, D Ana, D Tel, \\ D Seg, D Mor, D Dif, D Cre, D Inte, D Pr oI, D Pr oIa, D MetI, \\ D AnaI, D TelI, D IntII, D Pr oII, D MetII, D AnaII, D TelII, \\ \lambda, \kappa, \omega, \varphi, a, FDDO, FTDO, \beta, \delta, \varepsilon, \gamma, \psi, \sigma /$$

T, H, So, Ga, Me, Ci, Nu, Cig, C y G son conjuntos finitos no vacíos. Recordando el capítulo IV, T representa el tiempo, M el conjunto de los machos de la población, H el conjunto de las hembras de la población, So el conjunto de células somáticas, Ga el conjunto de células gaméticas, Me conjunto de membranas celulares, Ci el conjunto de citoplasmas, Nu el conjunto de núcleos celulares, Cig el conjunto de cigotos, C el conjunto de características, λ la función de tiempo que asigna a un cierto elemento del modelo una generación particular, κ la función de portación de células somáticas, ω la función de portación de células gaméticas, φ la función de fecundación y α la función de descripción fenotípica. Fec1, Fec2, Fec3, Int, ProfT, Prof, MetA, MetB, Ana, Tel, Seg, Mor, Dif, Cre, Inte, ProI, ProIa, MetI, AnaI, TelI, IntII, ProII, MetII, AnaII y TelII representan las distintas fases del desarrollo ontogénico de un individuo. DFec1, DFec2, DFec3, DInt, DProfT, DProf, D MetA, D MetB, D Ana, D Tel, D Seg, D Mor, D Dif, D Cre, D Inte, D ProI, D ProIa, D MetI, D AnaI, D TelI, D IntII, D ProII, D MetII, D AnaII, D TelII representan las descripciones de las distintas fases del desarrollo ontogénico de un individuo. FDDO es la función de descripción de las fases y FTDO la función de transición de una fase a la que sigue. G es el conjunto de genes, β la función de portación genética, δ la función de portación de estructuras de parejas de genes alelos de la célula somática, ε la función de portación de estructuras de genes alelos de una célula gamética, γ la función de gametogénesis, Ψ la función de fecundación y σ la función que representa la ley causal que relaciona un grupo de genes a un grupo de características.

El conjunto T representa la noción de tiempo y se considera isomorfo con un segmento inicial del conjunto de los números naturales para representar la secuencia de generaciones de los miembros de los conjuntos que componen el modelo de TMH. λ es un localizador temporal que asigna a todo elemento de alguno de los componentes de TMH un valor asociado a su generación

$$\lambda : T \mapsto Pot \ y / \ y = M \cup H \cup So \cup Ga \cup Me \cup Ci \cup Nu \cup Cig \cup C \cup G$$

La función λ es total y es en T .

El conjunto de individuos I está constituido por la unión entre el conjunto de machos M y el conjunto de hembras H

$$I =_{def} M \cup H$$

El conjunto de células Ce está constituido por elementos que tienen estructura de una tupla de tres elementos de tal manera que a cada una se le asigna una membrana, un citoplasma y un núcleo

$$Ce =_{def} Me \times Ci \times Nu$$

El conjunto de células Ce está constituido por la unión entre el conjunto de células somáticas So y el conjunto de células gaméticas Ga

$$Ce =_{def} So \cup Ga$$

La función κ representa la noción de portación de células somáticas de manera que le asigna a cada individuo de la generación t_i un conjunto de células somáticas

$$\kappa : \lambda(t_i) \cap I \mapsto Pot(\lambda(t_i) \cap So)$$

La función κ es total, es sobre $Pot(\lambda(t_i) \cap So)$ y es una biyección.

La función ω representa la noción de portación de células gaméticas de manera que le asigna a cada individuo de la generación t_i un conjunto de células gaméticas.

$$\omega : \lambda(t_i) \cap I \mapsto Pot(\lambda(t_i) \cap Ga)$$

La función ω es total, es sobre Pot $(\lambda(t_i) \cap Ga)$ y es una biyección.

La función φ representa la noción de fecundación de manera que le asigna a una pareja de células gaméticas de sexo opuesto de la generación t_i un cigoto de la generación t_{i+1} .

$$\varphi : (\lambda(t_i) \cap Ga_m) \times (\lambda(t_i) \cap Ga_h) \mapsto \lambda(t_{i+1}) \cap Cig / Ga_m = \omega(m \in M) \wedge Ga_h \omega(h \in H)$$

La función φ es total, es sobre $\lambda(t_{i+1}) \cap Cig$ y es una biyección.

Sobre el conjunto de todas características de la especie se puede introducir una partición donde cada clase de equivalencia se asocia a un grupo de características de la especie y los elementos de dicho subconjunto representan las variantes de ese grupo de características, por ejemplo, el subconjunto que contiene las características asociadas a los diferentes colores de ojo contiene ojo azul, ojo verde, ojo negro, etcétera.

$$C = \bigcup_{i=1}^n C_i / C_i = \{\mathbf{a}, \mathbf{B}, \dots, \mathbf{Z}\}$$

El conjunto de fenotipos de la especie es el conjunto de los fenotipos individuales. Cada fenotipo individual tiene la estructura de una tupla donde cada miembro de la tupla es una característica que muestra el individuo.

$$Fe_{i \in I} = \langle \mathbf{a}, \mathbf{B}, \dots, \mathbf{Z} \rangle$$

El conjunto de los fenotipos se construye mediante el producto cartesiano de las características.

$$Fe =_{def} \prod_{i=1}^n C_i$$

La función α representa la noción de fenotipo individual de manera que le asigna a cada individuo de la generación t_i un fenotipo o descripción en términos de sus características.

$$\alpha : \lambda(t_i) \cap I \mapsto \lambda(t_i) \cap Fe$$

La función α es total y es en $\lambda(t_i) \cap Fe$.

El conjunto de hijos de una pareja de individuos de la generación t_i es el conjunto de individuos de la generación t_{i+1} que se desarrollaron de un cigoto producto de la unión de gametos asociados a la pareja.

$$\begin{aligned} \text{hijos}(h \in (\lambda(t_i) \cap H), m \in (\lambda(t_i) \cap M)) =_{def} & \{a \in \lambda(t_{i+1}) \cap I / \exists g_{am}, g_{ah} \wedge \\ & g_{am} \in \omega(m) \wedge g_{ah} \in \omega(h) \wedge \\ & \varphi(\langle g_{am}, g_{ah} \rangle) \in \kappa(a) \wedge m, h \in I\} \end{aligned}$$

Los elementos del conjunto de fenotipos de los hijos se generan al aplicar la función α a cada uno de los hijos.

$$Fe_{\text{hijos}} =_{def} \{\alpha(z) / z \in \text{hijos}(h, m)\}$$

Sobre el conjunto FaseDO se puede introducir una partición de cuatro clases de equivalencia donde cada una de estas corresponde a uno de los procesos de fecundación, mitosis, desarrollo y meiosis.

$$\begin{aligned} \text{FaseDO} =_{def} & \text{Fec} \cup \text{Mit} \cup \text{Des} \cup \text{Mei} / \\ \text{Fec} =_{def} & \{\text{Fec1}, \text{Fec2}, \text{Fec3}\} \\ \text{Mit} =_{def} & \{\text{Int}, \text{Pr ofT}, \text{Pr of}, \text{MetA}, \text{MetB}, \text{Ana}, \text{Tel}\} \\ \text{Des} =_{def} & \{\text{Seg}, \text{Mor}, \text{Dif}, \text{Cre}\} \\ \text{Mei} =_{def} & \{\text{Inte}, \text{Pr oI}, \text{Pr oIa}, \text{MetI}, \text{AnaI}, \text{TelI}, \text{IntII}, \text{Pr oII}, \text{MetII}, \text{AnaII}, \text{TelII}\} \end{aligned}$$

Se puede construir el conjunto DescDO mediante la unión de las descripciones de las fases que componen el conjunto FaseDO.

$$\begin{aligned} \text{DescDO} =_{def} & \{\text{DFec1}, \text{DFec2}, \text{DFec3}, \text{DInt}, \text{DPr ofT}, \text{DPr of}, \text{DMetA}, \text{DMetB}, \text{DAna}, \\ & \text{DTel}, \text{DSeg}, \text{DMor}, \text{DDif}, \text{DCre}, \text{DInte}, \text{DPr oI}, \text{DPr oIa}, \text{DMetI}, \text{DAnaI}, \\ & \text{DTelI}, \text{DIntII}, \text{DPr oII}, \text{DMetII}, \text{DAnaII}, \text{DTelII}\} \end{aligned}$$

La función FDDO actúa sobre cada uno de los elementos de este conjunto para generar una descripción de la fase asociada al proceso.

$$FDDO : \text{FaseDO} \mapsto \text{DescDO}$$

La función FTDO actúa sobre un elemento de FaseDO para generar la siguiente fase del proceso

$$FTDO : FaseDO \mapsto FaseDO$$

En este modelo el desarrollo ontogénico comienza a considerarse desde el proceso de fecundación. Dicho proceso esta constituido de tres fases (Fec1, Fec2 y Fec3), las cuales no son cíclicas en el individuo, ocurren sólo una vez y generan el cigoto. Para dar cuenta del desarrollo del organismo a partir del cigoto se consideran cuatro fases (Seg, Mor,Dif, Cre). Dichas fases tampoco son cíclicas, se dan en el organismo una sólo vez. Sin embargo, para dar cuenta de parte de los procesos de segmentación, morfogénesis y crecimiento, se introduce el proceso de mitosis. También para dar cuenta de la producción de las células gaméticas se introduce el proceso de meiosis, El procesos de mitosis es cíclico. El proceso de meiosis no es cíclico ya que ocurre una sólo vez durante la formación de las células gaméticas. Las funciones FDDO y FTDO son totales y son biyectivas. La función FDDO es sobre DescDO y la función FTDO es sobre FaseDO.

Sobre el conjunto de los genes G se puede introducir una partición donde cada clase de equivalencia representa el conjunto de genes de la especie que codifican para un grupo de características.

$$G =_{def} \bigcup_{i=1}^n G_i / G_i = \{g_{\mathbf{A}}, g_{\mathbf{a}}, \dots, g_{\mathbf{A}}\}$$

El genotipo de la población está dado por

$$Ge =_{def} \times_{h=1}^n \prod_{i=1}^n G_i^2$$

El genotipo de un individuo es considerado como una tupla donde cada miembro de la tupla es una tupla que consiste de dos miembros: el grupo de genes provenientes del padre que codifican para un grupo de características y el grupo de genes provenientes de la madre que codifican para el mismo grupo de características.

$$Ge_{a \in \lambda(t_i) \cap I} = \langle \langle g_{\mathbf{A}}, g_{\mathbf{a}} \rangle \langle g_{\mathbf{B}}, g_{\mathbf{B}} \rangle \dots \langle g_{\mathbf{Z}}, g_{\mathbf{Z}} \rangle \rangle$$

La función β representa la noción de portación genética de un individuo de manera que le asigna a cada individuo de la generación t_i un conjunto de genes que tiene la estructura de tupla ya definida.

$$\beta: \lambda(t_i) \cap I \mapsto \lambda(t_i) \cap Ge$$

La función β es total y es en $\lambda(t_i) \cap Ge$.

TMH postula que la transmisión de los genes de padres a hijos se da a través de grupos ligados de genes. El conjunto de grupos ligados está dado por

$$GL =_{def} \times_{i=A}^F G_i \cup \times_{i=F+1}^L G_i \cup \dots \cup \times_{i=R}^Z G_i =_{def} GL_1 \cup GL_2 \cup \dots \cup GL_n$$

La función δ representa la noción de portación de estructuras de parejas de genes alelos de la célula somática PAI de la cual se generan los gametos. A partir del conjunto de grupos ligados GL se puede construir el conjunto de estructuras de secuencias de pares de genes alelos asociados a la espermátida o al oocito.

$$\delta: So \mapsto PAI /$$

$$PAI =_{def} GL_1^2 \times GL_2^2 \times \dots \times GL_n^2$$

La función δ es total y es en PAI.

La función ε representa la noción de portación de estructuras de genes alelos de una célula gamética AI. Dicha estructura también puede construirse a partir de GL.

$$\varepsilon: Ga \mapsto AI /$$

$$AI =_{def} GL_1 \times GL_2 \times \dots \times GL_n$$

La función ε es total y es en AI.

La función γ representa la noción de gametogenesis de manera que de una espermátida o de un oocito con estructura de parejas de alelos se forman espermatozoides u óvulos con estructuras de alelos sencillos.

$$\gamma: PAI \mapsto AI$$

La función γ es total, es sobre AI y es una biyección.

Para pasar de estructuras de parejas de alelos PAI a estructuras de alelos AI primero se debe obtener la proyección sobre las diferentes parejas de grupos ligados y luego la proyección sobre los elementos de la tupla que representan las parejas de alelos.

$$AI = \prod_{i=1}^n \prod_{j,k} PAI$$

La función ψ representa la noción de fecundación a nivel mendeliano-teórico. De una pareja de estructuras de genes alelos proveniente del padre y de la madre respectivamente se forma el genotipo del individuo de la generación t_{i+1} .

$$\begin{aligned} \psi: (\lambda(t_i) \cap AI) \times (\lambda(t_i) \cap AI) &\mapsto \lambda(t_{i+1}) \cap Ge / \\ \psi(\langle (\lambda(t_i) \cap AI)_{m \in \lambda(t_i) \cap M}, (\lambda(t_i) \cap AI)_{h \in \lambda(t_i) \cap H} \rangle) &= (\lambda(t_{i+1}) \cap Ge)_{x \in \lambda(t_i) \cap I} \wedge \\ (\lambda(t_i) \cap AI)_{m \in \lambda(t_i) \cap M} = \mathcal{E}(x \in \omega(m \in M)) &\wedge (\lambda(t_i) \cap AI)_{h \in \lambda(t_i) \cap H} = \mathcal{E}(x \in \omega(h \in H)) \end{aligned}$$

La función ψ es total, es sobre $\lambda(t_{i+1}) \cap Ge$ y es una biyección.

La función σ representa la ley causal que relaciona un grupo de genes de un individuo a un grupo de características del mismo individuo. La teoría sólo afirma que un grupo de genes son la causa de la manifestación de un grupo de características.

$$\begin{aligned} \sigma: Pot(\lambda(t_i) \cap Ge) &\mapsto Pot(\lambda(t_i) \cap Fe) / \\ Fe_{a \in \lambda(t_i) \cap I} &= \langle \sigma(\prod_{a=1}^l \langle g_a, g_a \rangle Ge_{a \in \lambda(t_i) \cap I}) \rangle \end{aligned}$$

La función σ es total y es sobre $Pot(\lambda(t_i) \cap Fe)$.

TCH

La reconstrucción conjuntista que presento establece que un modelo de TCH está descrito por una tupla de noventa y un elementos primitivos.

$$m \in M(TCH) \leftrightarrow \exists^n : T, M, H, So, Ga, Me, Ci, Nu, Cig, C, Fec1, Fec2, Fec3, Int, ProfT, Prof, MetA, MetB, Ana, Tel, Seg, Mor, Dif, Cre, Inte, ProI, ProIa, MetI, AnaI, TelI, IntII, ProII, MetII, AnaII, TelII, DFec1, DFec2, DFec3, DInt, DProfT, DProf, DMetA, DMetB, DAna, DTel, DSeg, DMor, DDif, DCre, DInte, DProI, DProIa, DMetI, DAnaI, DTelI, DIntII, DProII, DMetII, DAnaII, DTelII, Di, Ha, PCr, Cr, G, \lambda, \kappa, \omega, \varphi, \alpha, FDDO, FTDO, \gamma, \epsilon, \eta, \rho, \iota, \iota\sigma, \mu, \mu\gamma, \tau, \theta, \beta, \iota T, \mu T, \mu\gamma T, f, d, P, \Phi, \sigma /$$

T, H, So, Ga, Me, Ci, Nu, Cig, C, Di, Ha, PCr, Cr y G son conjuntos finitos no vacíos. Recordando el capítulo IV, T representa el tiempo y determina la generación, M es el conjunto de los machos de la población, H el conjunto de las hembras de la población), So el conjunto de células somáticas, Ga el conjunto de células gaméticas, Me el conjunto de membranas celulares, Ci el conjunto de citoplasmas, Cig el conjunto de cigotos, C el conjunto de características. Fec1, Fec2, Fec3, Int, ProfT, Prof, MetA, MetB, Ana, Tel, Seg, Mor, Dif, Cre, Inte, ProI, ProIa, MetI, AnaI, TelI, IntII, ProII, MetII, AnaII y TelII representan las distintas fases del desarrollo ontogénico de un individuo. DFec1, DFec2, DFec3, DInt, DProfT, DProf, DMetA, DMetB, DAna, DTel, DSeg, DMor, DDif, DCre, DInte, DProI, DProIa, DMetI, DAnaI, DTelI, DIntII, DProII, DMetII, DAnaII, DTelII representan las descripciones de las distintas fases del desarrollo ontogénico de un individuo. FDDO es la función de descripción de las fases y FTDO la función de transición de una fase a la que sigue. λ es la función de tiempo que asigna a un cierto elemento del modelo una generación particular, κ la función de portación de células somáticas, ω la función de portación de células gaméticas, φ la función de fecundación, α la función de descripción fenotípica, Di el conjunto de núcleos diploides asociados a las células somáticas, Ha el conjunto de núcleos haploides asociados a las células somáticas, PCr el conjunto de parejas de cromosomas homólogos asociadas a los núcleos diploides, Cr el conjunto de cromosomas homólogos sencillos asociados a los núcleos haploides, γ la

función de portación de núcleos diploides por parte de las células somáticas, ε la función de portación de núcleos haploides por parte de las células gaméticas, η la función de portación de conjunto de parejas de cromosomas homólogos de la especie por parte de los núcleos diploides, ρ la función de portación de conjunto de cromosomas homólogos sencillos de la especie por parte de los núcleos haploides, ι la función que representa la mitosis a nivel citológico, $\iota\sigma$ la función que representa el aumento en número de células somáticas producto de la mitosis, μ la función que representa la meiosis a nivel citológico, $\mu\gamma$ la función que representa el aumento en número de células gaméticas y la disminución en número de células somáticas producto de la meiosis, G el conjunto de genes de la población, τ la función de portación de estructuras de parejas de cromosomas homólogos por parte de los conjuntos de parejas de cromosomas homólogos, θ la función de portación de estructuras de cromosomas homólogos sencillos por parte de los conjuntos cromosomas homólogos sencillos, β la función de portación genética, ιT la función de mitosis a nivel TCH teórico, μT la función de meiosis a nivel TCH teórico, $\mu\gamma T$ la función que representa el aumento en número de estructuras asociadas a núcleos haploides y la disminución en número de estructuras asociadas a núcleos diploides producto de la meiosis, f la función de frecuencia de separación de genes de un mismo cromosoma, d la separación relativa entre dos genes de un cromosoma, P la función de probabilidad de separación de dos genes del mismo cromosoma, Φ la función de fecundación a nivel TCH teórico y σ la función que representa la ley causal que relaciona un grupo de genes a un grupo de características.

El conjunto T representa la noción de tiempo y se considera isomorfo con un segmento inicial del conjunto de los números naturales para representar la secuencia de generaciones de los miembros de los conjuntos que componen el modelo de TCH. λ es un localizador temporal que asigna a todo elemento de algunos de los componentes de TCH un valor asociado a su generación

$$\lambda: T \mapsto Pot \ y / y = M \cup H \cup So \cup Ga \cup Me \cup Ci \cup Cig \cup C$$

La función λ es total y es en T .

El conjunto de individuos I está constituido por la unión entre el conjunto de machos M y el conjunto de hembras H

$$I =_{def} M \cup H$$

El conjunto de células Ce está constituido por elementos que tienen estructura de una tupla de tres elementos de tal manera que a cada una se le asigna una membrana, un citoplasma y un núcleo

$$Ce =_{def} Me \times Ci \times Nu$$

El conjunto de células Ce está constituido por la unión entre el conjunto de células somáticas So y el conjunto de células gaméticas Ga

$$Ce =_{def} So \cup Ga$$

La función κ representa la noción de portación de células somáticas de manera que le asigna a cada individuo de la generación t_i un conjunto de células somáticas

$$\kappa: \lambda(t_i) \cap I \mapsto Pot(\lambda(t_i) \cap So)$$

La función κ es total, es sobre $Pot(\lambda(t_i) \cap So)$ y es una biyección.

La función ω representa la noción de portación de células gaméticas de manera que le asigna a cada individuo de la generación t_i un conjunto de células gaméticas

$$\omega: \lambda(t_i) \cap I \mapsto Pot(\lambda(t_i) \cap Ga)$$

La función ω es total, es sobre $Pot(\lambda(t_i) \cap Ga)$ y es una biyección.

La función φ representa la noción de fecundación de manera que le asigna a una pareja de células gaméticas de sexo opuesto de la generación t_i un cigoto de la generación t_{i+1}

$$\varphi: (\lambda(t_i) \cap Ga_m) \times (\lambda(t_i) \cap Ga_h) \mapsto \lambda(t_{i+1}) \cap Cig / Ga_m = \omega(m \in M) \wedge Ga_h \omega(h \in H)$$

La función φ es total, es sobre $\lambda(t_{i+1}) \cap Cig$ y es una biyección.

Sobre el conjunto de todas características de la especie se puede introducir una partición donde cada clase de equivalencia se asocia a un grupo de características de la especie y los elementos de dicho subconjunto representan las variantes de ese grupo de características, por ejemplo, el subconjunto que contiene las características asociadas a los diferentes colores de ojo contiene ojo azul, ojo verde, ojo negro, etcétera.

$$C = \bigcup_{i=1}^n C_i / C_i = \{c_{ij}\}$$

El conjunto de fenotipos de la especie es el conjunto de los fenotipos individuales. Cada fenotipo individual tiene la estructura de una tupla donde cada miembro de la tupla es una característica que muestra el individuo

$$Fe_{i \in I} = \langle c_{1i}, c_{2j}, \dots, c_{nk} \rangle$$

El conjunto de los fenotipos se construye de la siguiente manera

$$Fe =_{def} \times_{i=1}^n C_i$$

La función α representa la noción de fenotipo individual de manera que le asigna a cada individuo de la generación t_i un fenotipo o descripción en términos de sus características

$$\alpha: \lambda(t_i) \cap I \mapsto \lambda(t_i) \cap Fe$$

La función α es total y es en $\lambda(t_i) \cap Fe$.

Sobre el conjunto FaseDO se puede introducir una partición de cuatro clases de equivalencia donde cada una de estas corresponde a uno de los procesos de fecundación, mitosis, desarrollo y meiosis.

$$\begin{aligned} FaseDO &=_{def} Fec \cup Mit \cup Des \cup Mei / \\ Fec &=_{def} \{Fec1, Fec2, Fec3\} \\ Mit &=_{def} \{Int, Pr of T, Pr of, MetA, MetB, Ana, Tel\} \\ Des &=_{def} \{Seg, Mor, Dif, Cre\} \\ Mei &=_{def} \{Inte, Pr oI, Pr oIa, MetI, AnaI, Tell, IntII, Pr oII, MetII, AnaII, TellII\} \end{aligned}$$

Se puede construir el conjunto FaseDO mediante la unión de las fases que constituyen los procesos de fecundación, mitosis, desarrollo y meiosis.

$$FaseDO =_{def} \{Fec1, Fec2, Fec3, Int, Pr of T, Pr of, MetA, MetB, Ana, Tel, Seg, Mor, Dif, Cre, Inte, Pr oI, Pr oIa, MetI, AnaI, TelI, IntII, Pr oII, MetII, AnaII, TelII\}$$

Se puede construir el conjunto DescDO mediante la unión de las descripciones de las fases que componen el conjunto FaseDO.

$$DescDO =_{def} \{DFec1, DFec2, DFec3, DInt, DPr of T, DPr of, DMetA, DMetB, DAna, DTel, DSeg, DMor, DDif, DCre, DInte, DPr oI, DPr oIa, DMetI, DAnaI, DTelI, DIntII, DPr oII, DMetII, DAnaII, DTelII\}$$

La función FDDO actúa sobre cada uno de los elementos de este conjunto para generar una descripción de la fase asociada al proceso.

$$FDDO : FaseDO \mapsto DescDO$$

La función FTDO actúa sobre un elemento de FaseDO para generar la siguiente fase del proceso

$$FTDO : FaseDO \mapsto FaseDO$$

En este modelo el desarrollo ontogénico comienza a considerarse desde el proceso de fecundación. Dicho proceso está constituido de tres fases (Fec1, Fec2 y Fec3), las cuales no son cíclicas en el individuo, ocurren sólo una vez y generan el cigoto. Para dar cuenta del desarrollo del organismo a partir del cigoto se consideran cuatro fases (Seg, Mor, Dif, Cre). Dichas fases tampoco son cíclicas, se dan en el organismo una sola vez. Sin embargo, para dar cuenta de parte de los procesos de segmentación, morfogénesis y crecimiento, se introduce el proceso de mitosis. También para dar cuenta de la producción de las células gaméticas se introduce el proceso de meiosis. El proceso de mitosis es cíclico. El proceso de meiosis no es cíclico ya que ocurre una sola vez durante la formación de las células gaméticas. Las funciones FDDO y FTDO son totales y son biyectivas. La función FDDO es sobre DescDO y la función FTDO es sobre FaseDO.

El conjunto de núcleos Nu está constituido por la unión entre el conjunto de núcleos diploides Di y el conjunto de núcleos haploides Ha

$$Nu =_{def} Di \cup Ha$$

La función γ representa la noción de portación de núcleo diploide por parte de una célula somática y le asigna a cada célula somática de la generación t_i un núcleo diploide

$$\gamma: \lambda(t_i) \cap So \mapsto \lambda(t_i) \cap Di$$

La función γ es total, es sobre $\lambda(t_i) \cap Di$ y es una biyección.

La función ε representa la noción de portación de núcleo haploide por parte de una célula gamética y le asigna a cada célula gamética de la generación t_i un núcleo haploide

$$\varepsilon: \lambda(t_i) \cap Ga \mapsto \lambda(t_i) \cap Ha$$

La función ε es total, es sobre $\lambda(t_i) \cap Ha$ y es una biyección.

La función η representa la noción de portación de parejas de cromosomas homólogos de un núcleo diploide y le asigna a cada núcleo diploide de la generación t_i un conjunto de parejas de cromosomas homólogos

$$\eta: \lambda(t_i) \cap Di \mapsto Pot(\lambda(t_i) \cap PCr)$$

La función η es total, es sobre $Pot(\lambda(t_i) \cap PCr)$ y es una biyección.

La función ρ representa la noción de portación de cromosomas de un núcleo haploide y le asigna a cada núcleo haploide de la generación t_i un conjunto de cromosomas

$$\rho: \lambda(t_i) \cap Ha \mapsto Pot(\lambda(t_i) \cap Cr)$$

La función ρ es total, es sobre $Pot(\lambda(t_i) \cap Cr)$ y es una biyección.

La función ι representa la mitosis a nivel citológico donde el resultado es el aumento en el número de parejas de cromosomas homólogos por uno. La función $\iota\sigma$ actúa sobre el conjunto de células somáticas de un individuo y aumenta el número de estas por uno

$$\begin{aligned} \iota &: Pot((\lambda(t_i) \cap PCr) \times N) \mapsto Pot((\lambda(t_i) \cap PCr) \times N) \wedge \\ \iota\sigma &: Pot((\lambda(t_i) \cap So) \times N) \mapsto Pot((\lambda(t_i) \cap So) \times N) / \\ \iota(x = \langle pcr, n_i \rangle) &= \langle pcr, n_i + 1 \rangle \wedge \iota\sigma(y = \langle so, n_i \rangle) = \langle so, n_i + 1 \rangle \wedge \\ \iota(x) &\rightarrow \iota\sigma(y) \end{aligned}$$

La función ι es total, es sobre $Pot((\lambda(t_i) \cap PCr) \times N)$ y es una biyección. La función $\iota\sigma$ es total, es sobre $Pot((\lambda(t_i) \cap So) \times N)$ y es una biyección.

La función μ representa la meiosis a nivel citológico donde el resultado es la generación de cromosomas sencillos a partir parejas de cromosomas homólogos. La función $\mu\gamma$ actúa sobre el conjunto de células somáticas y células gaméticas de un individuo y aumenta el número de las segundas por cuatro y disminuye el número de las primeras por uno

$$\begin{aligned} \mu &: Pot((\lambda(t_i) \cap PCr) \times N) \mapsto Pot((\lambda(t_i) \cap Cr) \times N) \wedge \\ \mu\gamma &: Pot((\lambda(t_i) \cap So) \times N) \times Pot((\lambda(t_i) \cap Ga) \times N) \mapsto \\ &Pot((\lambda(t_i) \cap So) \times N) \times Pot((\lambda(t_i) \cap Ga) \times N) / \\ \mu(x = \langle pcr, n_i \rangle) &= \langle cr, n_k \rangle \wedge \mu\gamma(y = \langle \langle so, n_i \rangle, \langle ga, n_k - 4 \rangle \rangle) = \langle \langle so, n_i - 1 \rangle, \langle ga, n_k \rangle \rangle \wedge \\ \mu(x) &\rightarrow \mu\gamma(y) \end{aligned}$$

La función μ es total, es sobre $Pot((\lambda(t_i) \cap Cr) \times N)$ y es una biyección. La función $\mu\gamma$ es total, es sobre $Pot((\lambda(t_i) \cap Ga) \times N)$ y es una biyección.

Sobre el conjunto de genes de la especie se puede introducir una partición donde cada clase de equivalencia se asocia al grupo de genes que causan un grupo de características de la especie y los elementos de dicha clase son las variantes de los grupos de genes para ese grupo de características

$$G =_{def} \bigcup_{i=1}^n G_i / G_i = \{g_{ij}\}$$

El genotipo de un individuo es considerado como secuencias de pares de genes donde en cada par uno proviene del padre y el otro de la madre. El genotipo de la especie está construido de la siguiente manera

$$Ge =_{def} \times_{h=1}^n \prod_{i=1}^n \langle g_{ir}, g_{is} \rangle G_i^2$$

La función β representa la noción de constitución genética de un individuo de manera que le asigna a cada individuo de la generación t_i un genotipo

$$\beta: \lambda(t_i) \cap I \mapsto \lambda(t_i) \cap Ge$$

La función β es total y es en $\lambda(t_i) \cap Ge$.

Sobre el conjunto de estructuras de cromosomas en términos de genes CrT de la especie se puede introducir una partición donde cada clase de equivalencia se asocia a un cromosoma en particular de la especie

$$CrT =_{def} \times_{i=1}^a G_i \cup \times_{i=a+1}^b G_i \cup \dots \cup \times_{i=r}^l G_i =_{def} CrT_1 \cup CrT_2 \cup \dots \cup CrT_n$$

La función τ representa la noción de arreglo cromosómico de un núcleo diploide de manera que le asigna a cada conjunto de cromosomas de un núcleo diploide una estructura en términos de parejas de cromosomas homólogos

$$\tau: Pot(\lambda(t_i) \cap PCr) \mapsto \lambda(t_i) \cap CrT_{Di} / CrT_{Di} =_{def} CrT_1^2 \times CrT_2^2 \times \dots \times CrT_n^2$$

La función τ es total, es en $\lambda(t_i) \cap CrT_{Di}$ y es una biyección.

La función θ representa la noción de arreglo cromosómico de un núcleo haploide de manera que le asigna a cada conjunto de cromosomas de un núcleo diploide una estructura en términos de cromosomas

$$\theta: Pot(\lambda(t_i) \cap Cr) \mapsto \lambda(t_i) \cap CrT_{Ha} / CrT_{Ha} =_{def} CrT_1 \times CrT_2 \times \dots \times CrT_n$$

La función θ es total, es en $\lambda(t_i) \cap CrT_{Ha}$ y es una biyección.

La mitosis a nivel teórico ιT representa la noción de duplicación de cromosomas y subsecuente separación de los mismos y al actuar sobre un grupo de estructuras cromosómicas de núcleos diploides aumenta por uno el número de los mismos. Esto hace posible el aumento en número de las células somáticas del individuo

$$\begin{aligned} \iota T : Pot((\lambda(t_i) \cap CrT_{Di}) \times \mathbb{N}) &\mapsto Pot((\lambda(t_i) \cap CrT_{Di}) \times \mathbb{N}) / \\ \iota T(x = \langle crt_{Di}, n_i \rangle) &= \langle crt_{Di}, n_i + 1 \rangle \wedge \iota \sigma(y = \langle so, n_i \rangle) = \langle so, n_i + 1 \rangle \wedge \\ \iota T(x) &\rightarrow \iota \sigma(y) \end{aligned}$$

La función ιT es total, es sobre $Pot(\lambda(t_i) \cap CrT_{Di}) \times \mathbb{N}$ y es una biyección.

La meiosis a nivel teórico μT representa la noción de duplicación de cromosomas y subsecuente doble separación de los mismos y al actuar sobre un grupo de estructuras cromosómicas de núcleos diploides disminuye por uno el número de estructuras cromosómicas de núcleos diploides y aumenta por cuatro el número de estructuras cromosómicas de núcleos haploides. Esto hace posible la formación de cuatro células gaméticas a partir de una célula somática. La función $\mu \gamma T$ actúa sobre el conjunto de estructuras de cromosomas asociadas a núcleos diploides y de estructuras de cromosomas asociadas a núcleos haploides y aumenta el número de las segundas por cuatro y disminuye el número de las primeras por uno

$$\begin{aligned} \mu T : \lambda(t_i) \cap CrT_{Di} &\mapsto \lambda(t_i) \cap CrT_{Ha} \wedge \\ \mu \gamma T : ((\lambda(t_i) \cap CrT_{Di}) \times \mathbb{N}) \times ((\lambda(t_i) \cap CrT_{Ha}) \times \mathbb{N}) &\mapsto \\ ((\lambda(t_i) \cap CrT_{Di}) \times \mathbb{N}) \times ((\lambda(t_i) \cap CrT_{Ha}) \times \mathbb{N}) / & \\ \mu T(x = crt_{Di}) &= crt_{Ha} \wedge \\ \mu \gamma T(y = \langle \langle crt_{Di}, n_i \rangle, \langle crt_{Ha}, n_k - 4 \rangle \rangle) &= \langle \langle crt_{Di}, n_i - 1 \rangle, \langle crt_{Ha}, n_k \rangle \rangle \wedge \\ \mu T(x) &\rightarrow \mu \gamma T(y) \end{aligned}$$

La función μT es total, es sobre $\lambda(t_i) \cap CrT_{Ha}$ y es una biyección. La función $\mu \gamma T$ es total, es sobre $((\lambda(t_i) \cap CrT_{Di}) \times \mathbb{N}) \times ((\lambda(t_i) \cap CrT_{Di}) \times \mathbb{N})$ y es una biyección.

Luego del proceso de meiosis es probable que algunos cromosomas homólogos hayan intercambiado segmentos mediante uno o más sobrecruzamientos

$$\begin{aligned}
& \forall x_a \hat{=} y_a \in CrT_{Ha} \\
& \quad x_a \hat{=} w_a \hat{=} z_a \in CrT_{Di} \vee \\
& \quad (\{\prod_{i=1}^r g_{ij} x_a\} \hat{=} v_a \hat{=} w_a \hat{=} z_a \in CrT_{Di} \wedge \{\prod_{i=r+1}^m g_{ij} x_a\} \hat{=} v_b \hat{=} w_a \hat{=} z_a \in CrT_{Di}) \vee \\
& \quad (\{\prod_{i=1}^r g_{ij} x_a\} \cup \{\prod_{i=s+1}^p g_{ij} x_a\}) \hat{=} v_a \hat{=} w_a \hat{=} z_a \in CrT_{Di} \wedge \\
& \quad \{\prod_{i=r+1}^s g_{ij} x_a\} \hat{=} v_b \hat{=} w_a \hat{=} z_a \in CrT_{Di}) \wedge r < s < p
\end{aligned}$$

La función f le asigna a una pareja de genes de un mismo cromosoma una frecuencia relativa con la cual aparecen separados luego del proceso de meiosis. El valor de f se supone dado por medición. El valor de esta frecuencia corregido para considerar dobles sobrecruzamientos da una medida de la distancia d de separación entre los genes

$$\begin{aligned}
f &: G_i^2 \mapsto (0,1) \\
d &: G_i^2 \mapsto \mathfrak{R}/ \\
d(g_{ij}, g_{i+lk}) &= f(g_{ij}, g_{i+lk} \hat{=} x_a \hat{=} y_a \in CrT_{Ha} \wedge g_{ij}, g_{i+lk} \hat{=} x_b \hat{=} w_a \hat{=} z_a \in CrT_{Di})
\end{aligned}$$

La función f es total y es en el intervalo $(0,1)$.

La función Φ representa la noción de unión entre cromosomas homólogos producto de la fecundación. Dicha unión da lugar al genotipo del hijo

$$\Phi: (\lambda(t_i) \cap CrT_{HaM}) \times (\lambda(t_i) \cap CrT_{HaH}) \mapsto \lambda(t_{i+1}) \cap Ge$$

La función ϕ es total, es sobre $\lambda(t_{i+1}) \cap Ge$ y es una biyección.

La función σ representa la ley causal que relaciona un grupo de genes de un individuo a un grupo de características del mismo individuo. La teoría sólo afirma que un grupo de genes son la causa de la manifestación de un grupo de características en cada individuo

$$\begin{aligned}
\sigma: \lambda(t_{i+1}) \cap Ge &\mapsto \lambda(t_{i+1}) \cap Fe / \\
Fe_{(\lambda(t_{i+1}) \cap I)_n} &= \langle \sigma(\prod_{a=1}^l \langle g_{ij}, g_{ik} \rangle Ge_{(\lambda(t_{i+1}) \cap I)_n}) \rangle
\end{aligned}$$

La función σ es total, es en $\lambda(t_{i+1}) \cap Fe$ y es una biyección.

La ley fundamental de TCH establece que cuando ocurre algún sobrecruzamiento la probabilidad P con que dos genes de un mismo cromosoma se separen durante la meiosis es la diferencia entre la probabilidad de que ocurra un sobrecruzamiento entre ellos y la probabilidad de que ocurra un segundo sobrecruzamiento involucrando un gen localizado entre ellos.

$$\begin{aligned}
 P: G_i^2 &\mapsto (0,1) \wedge \\
 \exists x_a \in y_a \in CrT_{Ha} / x_a \notin w_a \in z_a \in CrT_{Di} &\rightarrow \\
 P(g_{ij}, g_{i+r+k}, g_{i+r+tl} \in x_a \in y_a \in CrT_{Ha} \wedge (g_{ij} \vee g_{i+r+tl}) \notin v_a \in w_a \in z_a \in CrT_{Di}) &= \\
 \frac{r+t}{i_{max}} - \left(\frac{r}{i+r} + \frac{t}{i_{max} - (i+r)} \right) &
 \end{aligned}$$

TBH

La reconstrucción conjuntista que presento establece que un modelo de TBH presupone a TCH y añade a lo que aporta TCH cincuenta y cinco elementos primitivos.

$$m \in M(THM) \leftrightarrow \exists^n : ADN, ARN, Pro, BN, Pen, GF, AA, RIn, REl, RTe, DRIn, DREl, DRTe, TIn, TEl, TTe, DTIn, DTEl, DTTe, Ma1, Ma2, Ma3, Dma1, Dma2, Dma3, TrIn, TrEl, TrTe, DTrIn, DTrEl, DTrTe, \pi, \zeta, FDRe, FTRe, \nu, \Sigma, \vartheta, \Delta, \psi, \phi, \Psi, \nu, \Theta, FDTr, FTTR, \Gamma, \Omega, FDMa, FTMa, \Lambda, \Xi, \Pi, FDTra, FTTra /$$

ADN, ARN, Pro, BN, Pen, GF y AA son conjuntos finitos no vacíos. Recordando el capítulo IV, ADN es el conjunto de moléculas de ADN de la población a nivel TBH no teórico, ARN el conjunto de moléculas de ARN de la población a nivel TBH no teórico, Pro el conjunto de proteínas de la población a nivel TBH no teórico, BN el conjunto que contiene el arreglo químico de las bases nitrogenadas que forman parte de la estructura de los ácidos nucleicos, Pen el conjunto que contiene el arreglo químico de las moléculas de pentosa que forman parte de la estructura de los ácidos nucleicos, GF el conjunto que contiene el arreglo químico del grupo fosfato que forma parte de la estructura de los ácidos nucleicos, AA conjunto de aminoácidos que forman parte de las proteínas asociadas a los fenómenos biológicos, χ la función de portación de proteínas, ξ la función de portación de ADN, ζ la función de portación de ARN, δ la función de caracterización de proteínas en términos bioquímicos, π la función de caracterización de parejas de cromosomas homólogos en términos bioquímicos, ν la función de caracterización de cromosomas homólogos sencillos en términos bioquímicos, Σ la función de caracterización de ADN a nivel TBH no teórico en términos bioquímicos, Δ la función de caracterización de ARN a nivel TBH no teórico en términos bioquímicos, ζ la función de duplicación del ADN, ψ la función de formación de estructuras de cadenas de ADN sencillas y ϕ la función de formación de estructuras de dobles cadenas de ADN.

El conjunto MM contiene las sustancias que son consideradas como constituidas por macromoléculas. Estas sustancias poseen unas ciertas propiedades mediante las cuales se les determina un conjunto de estructuras asociadas a ellas. Entre estas sustancias se encuentran primordialmente los ácidos nucleicos y las proteínas.

$$AN \subset MM \supset Pro$$

Sobre el conjunto de ácidos nucleicos se puede introducir una partición consistente de dos clases de equivalencia donde cada una de ellas representa al conjunto de las sustancias constituidas de moléculas de ADN y conjunto de las sustancias constituidas moléculas de ARN de la población.

$$AN =_{def} ADN \cup ARN$$

La función χ representa la noción de correspondencia entre un conjunto de características y un conjunto de proteínas, esto es, se asocia a cada caracterización fenomenológica fenotípica una caracterización molecular estructural

$$\chi: Fe \mapsto \lambda(t_{i+1}) \cap Pro$$

La función χ es total y es sobre $\lambda(t_i) \cap Pro$.

Las funciones ζ y ξ le asignan a cada individuo un conjunto de sustancias constituidas de ADN y un conjunto de sustancias constituidas de ARN respectivamente.

$$\zeta: \lambda(t_{i+1}) \cap I \mapsto (t_{i+1}) \cap ADN$$

$$\xi: \lambda(t_{i+1}) \cap I \mapsto (t_{i+1}) \cap ARN$$

Ambas funciones ζ y ξ son totales, ζ es en $\lambda(t_{i+1}) \cap ADN$ y ξ es en $\lambda(t_{i+1}) \cap ARN$.

Los conjuntos primitivos BN, Pen, GF y AA a nivel T teórico son los siguientes:

$$BN = Pu \cup Pi / Pu = \{ad, gu\}, Pi = \{ti, ct, ur\}$$

$$Pen = \{D, R\}$$

$$GF = \{gf\}$$

$$AA = \{aa_i\} / 1 \leq i \leq 20$$

El conjunto de estructuras de proteínas a nivel bioquímico teórico ProT se construye con la unión de los productos cartesianos sobre los aminoácidos donde la longitud de la secuencia de aminoácidos establece cuantas veces se ejecuta dicha operación para formar una proteína.

$$ProT = \bigcup_{s=1}^m \left(\times_{k=1}^l AA \right)_s$$

La función δ le asigna unas características y propiedades a unas sustancias que a nivel bioquímico teórico se les asigna una estructura.

$$\delta : Pot(\lambda(t_{i+1}) \cap ProT) \mapsto Pot(\lambda(t_{i+1}) \cap Pro)$$

La función δ es total, es en $\lambda(t_{i+1}) \cap Pro$ y es biyectiva.

Sobre el conjunto de los nucleótidos Nuc se puede introducir una partición donde una clase de equivalencia contiene a los nucleótidos que se pueden encontrar en el ADN y la otra clase de equivalencia contiene a los nucleótidos que se pueden encontrar en el ARN.

$$\begin{aligned} Nuc &= NADN \cup NARN / \\ NADN &= (\{D\} \times Pu \times GF) \cup (\{D\} \times \{ti, ct\} \times GF) = NADNPu \cup NADNPi \\ NARN &= (\{R\} \times Pu \times GF) \cup (\{R\} \times \{ur, ct\} \times GF) = NARNPu \cup NARNPi \end{aligned}$$

Sobre el conjunto de las estructuras de las moléculas de ADN a nivel bioquímico ADN_B se puede introducir una partición donde cada clase de equivalencia representa una molécula de ADN de la especie. Las adn_{ij} representan moléculas de ADN individuales

$$ADNB = \bigcup_{i=1}^m ADNB_i / ADNB_i = \{adn_{ij}\}$$

Cada uno de las moléculas adn_{ij} se construye a base del conjunto de nucleótidos Nuc.

$$\begin{aligned} adn_{ij} &= \langle ADNnu_1, ADNnu_2, \dots, ADNnu_n \rangle / \\ & (ADNnu_i \in ADNPu \times ADNPi \vee ADNnu_i \in ADNPi \times ADNPu) \wedge \\ & \forall ADNnu_i \hat{=} adn_{ij} (ad \hat{=} x_a \hat{=} y_a \hat{=} adn_{ij} \rightarrow ti \hat{=} x_b \hat{=} y_a \hat{=} adn_{ij}) \wedge \\ & (gu \hat{=} x_a \hat{=} y_a \hat{=} adn_{ij} \rightarrow ct \hat{=} x_b \hat{=} y_a \hat{=} adn_{ij}) \end{aligned}$$

Cada uno de las moléculas arn_{ij} se construye a base del conjunto de nucleótidos Nuc. Cada uno de estos elemento de ARNB tiene la estructura de una tupla donde cada elemento de la tupla es un nucleótido de ARN.

$$arn_{ij} = \langle ARNnu_1, ARNnu_2, \dots, ARNnu_n \rangle$$

La función Σ le asigna al conjunto de moléculas de ADN de un individuo (ADN) un conjunto de estructuras a nivel bioquímico teórico ADN_B. La función Δ le asigna al conjunto de moléculas de ADN de un individuo ADN un conjunto de estructuras a nivel bioquímico teórico ADN_B.

$$\Sigma: Pot(\lambda(t_i) \cap ADN) \mapsto Pot(\lambda(t_i) \cap ADN_B)$$

$$\Delta: Pot(\lambda(t_i) \cap ARN) \mapsto Pot(\lambda(t_i) \cap ARN_B)$$

Ambas funciones Σ y Δ son totales y biyectivas, Σ es en $Pot(\lambda(t_i) \cap ADN_B)$ y Δ es en $Pot(\lambda(t_{i+1}) \cap ARN_B)$.

Las estructuras de ADN asignadas a los núcleos diploides ADND_i y a las estructuras de ADN asignadas a los núcleos haploides ADNHa se construyen del conjunto ADN_B.

$$ADND_i =_{def} \times_{j=1}^m ADN_j^2$$

$$ADNH_a =_{def} \times_{j=1}^m ADN_j$$

La función ν le asigna a una estructura de parejas de cromosomas homólogos a nivel TBH no teórico una estructura de núcleo diploide en términos de moléculas de ADN. La función π le asigna a un conjunto de parejas de cromosomas homólogos a nivel TBH no teórico una estructura de núcleo diploide en términos de moléculas de ADN a nivel TBH teórico.

$$\nu: Pot(\lambda(t_i) \cap PCr) \mapsto \lambda(t_i) \cap ADND_i$$

$$\pi: Pot(\lambda(t_i) \cap Cr) \mapsto \lambda(t_i) \cap ADNHa$$

Ambas funciones ν y π son totales y biyectivas. ν es en $\lambda(t_i) \cap ADND_i$ y π es en $\lambda(t_i) \cap ADNHa$.

La función ζ representa la noción de replicación del ADN a nivel TBH teórico.

$$\zeta: \lambda(t_i) \cap ADND_i \mapsto \lambda(t_i) \cap ADND_i$$

La función ζ es total, es sobre $\lambda(t_i) \cap ADND_i$ y es biyectiva.

Se puede definir un conjunto FaseRe con la unión de las fases que constituyen el proceso de replicación.

$$FaseRe =_{def} \{RIn, REl, RTE\}$$

Se puede construir el conjunto DescRe mediante la unión de las descripciones de las fases que componen el conjunto FaseRe.

$$DescRe =_{def} \{DRIn, DREl, DRTE\}$$

La función FDRe actúa sobre cada uno de los elementos del conjunto FaseRe para generar una descripción de la fase asociada al proceso.

$$FDRe : FaseRe \mapsto DescRe$$

La función FTRe actúa sobre un elemento de FaseRe para generar la siguiente fase del proceso.

$$FTRe : FaseRe \mapsto FaseRe$$

La función ψ representa la noción de separación de las moléculas de ADN en la formación de células gaméticas para pasar de una estructura representada por ADNDi a otra representada por ADNHa.

$$\psi : \lambda(t_i) \cap ADNDi \mapsto \lambda(t_i) \cap ADNHa$$

La función ψ es total, es sobre $\lambda(t_i) \cap Ha$ y es biyectiva.

La función ϕ representa la noción de unión de estructuras ADNHa contenidas en los gametos de los padres durante la fecundación para formar nuevamente una estructura ADNDi correspondiente al cigoto que se formó.

$$\phi : (\lambda(t_i) \cap ADNHa_M) \times (\lambda(t_i) \cap ADNHa_H) \mapsto \lambda(t_{i+1}) \cap ADNDi$$

La función ϕ es parcial, es sobre $\lambda(t_{i+1}) \cap ADNDi$ y es biyectiva.

Sobre el conjunto de tripletes Tri se puede introducir una partición de dos clases de equivalencia donde estas representan a los tripletes que se pueden encontrar en el ADN $TriA$ y los que se pueden encontrar en el ARN $TriR$ respectivamente.

$$Tri =_{def} TriA \cup TriR /$$

$$TriA = NADN^3, TriR = NARN^3$$

El ADN en TGM es considerado como una secuencia de parejas de tripletes complementarios. La estructura que le asigna TGM a la estructura de ADN de un individuo ADNG es una tupla que representa el conjunto de moléculas de ADN del individuo cuyos elementos son a su vez tuplas que contiene cada una una secuencia de parejas de tripletes.

$$ADNG_i = \langle \langle z_1, z_2, \dots, z_k \rangle_1, \langle z_{k+1}, z_{k+2}, \dots, z_l \rangle_2, \dots, \langle z_s, z_{s+1}, \dots, z_m \rangle_n \rangle /$$

$$z_a \in TriA^2 \wedge$$

$$(\prod_{BN} \prod_{l=1}^1 \langle A, BN, gf \rangle z_a \in Pu \rightarrow \prod_{BN} \prod_{l=2}^2 \langle A, BN, gf \rangle z_a \in Pi) \wedge$$

$$(\prod_{BN} \prod_{l=1}^1 \langle A, BN, gf \rangle z_a \in Pi \rightarrow \prod_{BN} \prod_{l=2}^2 \langle A, BN, gf \rangle z_a \in Pu)$$

La función Ψ representa la noción de organización del ADN en términos de tripletes de manera que le asigna a cada molécula de ADN descrita en términos de nucleótidos una estructura de ADN en términos de tripletes.

$$\Psi: \lambda(t_{i+1}) \cap ADNDi \mapsto \lambda(t_{i+1}) \cap ADNG$$

La función Ψ es total, es sobre $\lambda(t_{i+1}) \cap ADNG$ y es biyectiva.

TBH le asigna al ARN heterogéneo nuclear ARNh una estructura de una tupla cuyos elementos son tuplas que representan diferentes moléculas de ARN heterogéneo nuclear. Cada una de estas tuplas tiene como elementos tripletes de ARN.

$$ARNh = \langle \langle x_1, x_2, \dots, x_k \rangle_1, \langle x_{k+1}, x_{k+2}, \dots, x_l \rangle_2, \dots, \langle x_{l+1}, x_{l+2}, \dots, x_m \rangle_n \rangle /$$

$$x_a \in TriR$$

TBH plantea que cada molécula de ARN heterogéneo nuclear está constituida de secuencias de tripletes que codifican alguna información útil (exones) alternadas con secuencias que no codifican para nada (intrones).

$$ARNh_i = \langle int_1, exo_1, int_2, exo_2, \dots, exo_{n-1}, int_n \rangle$$

El ARN heterogéneo nuclear contiene la secuencia de nucleótidos complementaria a la del segmento de ADN del cual se genera con excepción de la presencia del nucleótido de uracilo en el ARN que sustituye al nucleótido de timina en el ADN.

La función υ le asigna a un cierto ARN con una estructura en términos de nucleótidos una estructura y función de transcrito primario ARNh.

$$\upsilon : \lambda(t) \cap ARNB \mapsto \lambda(t_i) \cap ARNh$$

La función υ es total, es en $\lambda(t_i) \cap ARNh$ y es biyectiva.

La función Θ representa la noción de transcripción mediante la cual se generan moléculas de ARN heterogéneo nuclear a partir de moléculas de ADN

$$\begin{aligned} \Theta : \lambda(t_i) \cap ADNG &\mapsto \lambda(t_i) \cap ADNh / \\ ADN\sigma_i \in ADNG_i \wedge ADN\sigma_i = \langle x_1, x_2, \dots, x_n \rangle &\rightarrow ARNh = \langle y_1, y_2, \dots, y_n \rangle \wedge \\ \prod_{\langle x_a \in x_i \rangle} \prod_{\langle z_a \in r_i \rangle} \prod_{\langle w_a \in z_a \rangle} \prod_{BN} x_i = ad &\mapsto \prod_{\langle v_a \in y_i \rangle} \prod_{\langle u_a \in v_a \rangle} \prod_{BN} y_i = ur \wedge \\ \prod_{\langle x_a \in x_i \rangle} \prod_{\langle z_a \in r_i \rangle} \prod_{\langle w_a \in z_a \rangle} \prod_{BN} x_i = gu &\mapsto \prod_{\langle v_a \in y_i \rangle} \prod_{\langle u_a \in v_a \rangle} \prod_{BN} y_i = ct \wedge \\ \prod_{\langle x_a \in x_i \rangle} \prod_{\langle z_a \in r_i \rangle} \prod_{\langle w_a \in z_a \rangle} \prod_{BN} x_i = ct &\mapsto \prod_{\langle v_a \in y_i \rangle} \prod_{\langle u_a \in v_a \rangle} \prod_{BN} y_i = gu \wedge \\ \prod_{\langle x_a \in x_i \rangle} \prod_{\langle z_a \in r_i \rangle} \prod_{\langle w_a \in z_a \rangle} \prod_{BN} x_i = ti &\mapsto \prod_{\langle v_a \in y_i \rangle} \prod_{\langle u_a \in v_a \rangle} \prod_{BN} y_i = ad \end{aligned}$$

La función Θ es total, es sobre $\lambda(t_i) \cap ADNh$ y es biyectiva.

Se puede definir un conjunto FaseTr con la unión de las fases que constituyen el proceso de transcripción.

$$FaseTr =_{def} \{TrIn, TrEl, TrTe\}$$

Se puede construir el conjunto DescTr mediante la unión de las descripciones de las fases que componen el conjunto FaseTr.

$$DescTr =_{def} \{DTrIn, DTrEl, DTrTe\}$$

La función FDTr actúa sobre cada uno de los elementos del conjunto FaseTr para generar una descripción de la fase asociada al proceso.

$$FDTr : FaseTr \mapsto DescTr$$

La función FTTr actúa sobre un elemento de FaseTr para generar la siguiente fase del proceso.

$$FTTr : FaseTr \mapsto FaseTr$$

La función Ω representa la noción de maduración del ARN mediante el cual se remueven los intrones del ARN heterogéneo nuclear.

$$\begin{aligned} \Omega : \lambda(t_i) \cap ARNh &\mapsto \lambda(t_i) \cap ARNm / \\ ARNm &= \langle ex_1, ex_2, \dots, ex_{n-1} \rangle = \\ &\langle y_1, y_2, \dots, y_a, y_{a+1}, y_{a+r+1}, \dots, y_b, y_{b+s}, y_{b+s+1}, \dots, y_n \rangle \quad (r, s > 1) \end{aligned}$$

La función Ω es total, es sobre $\lambda(t_i) \cap ARNm$ y es biyectiva.

La función Γ le asigna a un cierto ARN con una cierta estructura en términos de nucleótidos una estructura y una función de ARN mensajero.

$$\Gamma : \lambda(t_i) \cap ARNB \mapsto \lambda(t_i) \cap ARNm$$

La función Γ es total, es sobre $\lambda(t_i) \cap ARNB$ y es biyectiva.

Se puede definir un conjunto FaseMa con la unión de las fases que constituyen el proceso de transcripción.

$$FaseMa =_{def} \{Ma1, Ma2, Ma3\}$$

Se puede construir el conjunto DescMa mediante la unión de las descripciones de las fases que componen el conjunto FaseMa.

$$DescMa =_{def} \{DMA1, DMA2, DMA3\}$$

La función FDMA actúa sobre cada uno de los elementos del conjunto FaseMa para generar una descripción de la fase asociada al proceso.

$$FDMA : FaseMa \mapsto DescMa$$

La función FTMa actúa sobre un elemento de FaseMa para generar la siguiente fase del proceso.

$$FTMa : FaseMa \mapsto FaseMa$$

El ARN ribosomal de un individuo tiene estructura de tupla donde cada elemento de la tupla es a su vez una tupla cuyos elementos representan tripletes de ARN.

$$ARNr = \langle \langle x_1, x_2, \dots, x_n \rangle, \langle x_{n+1}, x_{n+2}, \dots, x_m \rangle, \dots, \langle x_s, x_{s+1}, \dots, x_r \rangle \rangle / \\ x_i \in TriR$$

La función Λ le asigna a un cierto ARN con una cierta estructura en términos de nucleótidos de ARN una función y una estructura en términos de tripletes de ARN.

$$\Lambda : \lambda(t_i) \cap ARNB \mapsto \lambda(t_i) \cap ARNr$$

La función Λ es total, es sobre $\lambda(t_i) \cap ARNr$ y es biyectiva.

Una molécula de ARN de transferencia puede representarse como una tupla que consiste de una secuencia de secuencias de nucleótidos de ARN y un aminoácido. El arreglo es tal que se tienen secuencias complementarias de nucleótidos alternadas con secuencias no complementarias.

$$ARNt_i = \langle \langle x_1, x_2, \dots, x_n \rangle, \langle y_1, y_2, \dots, y_m \rangle, \langle x_1, x_2, \dots, x_r \rangle, \langle x_1, x_2, \dots, x_s \rangle, \langle y_1, y_2, \dots, y_t \rangle, \\ \langle x_1, x_2, \dots, x_v \rangle, \langle x_1, x_2, \dots, x_w \rangle, y_3, \langle x_1, x_2, \dots, x_x \rangle, \langle x_1, x_2, \dots, x_y \rangle, aa_i \rangle / \\ x_j, y_k \in NARN, aa_i \in AA$$

La función Ξ le asigna a un cierto ARN con una cierta estructura en términos de nucleótidos la estructura y función de portador de aminoácidos para la síntesis de proteínas

$$\Xi : \lambda(t_{i+1}) \cap ARNB \mapsto \lambda(t_{i+1}) \cap ARNt$$

La función Ξ es total, es sobre $\lambda(t_i) \cap ARNt$ y es biyectiva.

La función Π representa la noción de traducción de la información contenida en el ARN mensajero.

$$\begin{aligned} \Pi : (\lambda(t) \cap Pot ARNm) \times (\lambda(t) \cap Pot ARNr) \times (\lambda(t) \cap Pot ARNt) \times \\ (\lambda(t) \cap Pot Pr oT) \mapsto \lambda(t) \cap Pot Pr oT \end{aligned}$$

La función Π es total, es sobre $\lambda(t_i) \cap Pot Pr oT$ y es biyectiva.

Se puede definir un conjunto FaseTra con la unión de las fases que constituyen el proceso de transcripción.

$$FaseTra =_{def} \{TrIn, TrEl, TrTe\}$$

Se puede construir el conjunto DescTra mediante la unión de las descripciones de las fases que componen el conjunto FaseTra.

$$DescTra =_{def} \{DTrIn, DTrEl, DTrTe\}$$

La función FDtra actúa sobre cada uno de los elementos del conjunto FaseTra para generar una descripción de la fase asociada al proceso.

$$FDtra : FaseTra \mapsto DescTra$$

La función FTtra actúa sobre un elemento de FaseTra para generar la siguiente fase del proceso.

$$FTtra : FaseTra \mapsto FaseTra$$

Apéndice II: Ejemplo de una teoría que salta al nivel físico

Ejemplo de un salto de nivel para llenar huecos explicativos asociados a TBH

Según hemos visto el salto de nivel de la genética clásica a la genética molecular ha dado lugar a una descripción en términos moleculares del proceso que se da en el desarrollo de un organismo durante toda su existencia. De acuerdo con Bhaskar una vez se tiene la descripción de lo que ocurre en un cierto estrato de la realidad se deben buscar las leyes que dan cuenta de lo que ocurre en ese estrato. En este apéndice me propongo a dar una idea de lo que sería una solución aceptable al planteamiento de Bhaskar. La solución la propongo en el nivel de simulacro porque propondré un modelo que no necesariamente tenga referente en el mundo real. Sin embargo, no es mi propósito proponer una teoría correcta sino sólo dar una idea de lo que sería en este caso una solución aceptable y las razones por las cuales lo es, de manera que sirva de guía en la búsqueda de la solución que finalmente sea aceptada por la comunidad científica. Para ser considerada como solución adecuada uno de sus requisitos de la misma debe ser que pueda dar cuenta de los procesos que se han descrito en el nivel molecular.

Ya hemos visto en el capítulo IV que los mecanismos que propone la bioquímica se fundamentan en procesos que de acuerdo con Bunge son automantenidos, en otras palabras, no se alude a determinantes sino que parece que se fundamentan en un principio más básico. Una posible solución en este sentido sería la de considerar que es natural para dichos procesos que se den así. Aunque la biología ha aceptado esto y se ha dedicado a estudiar los procesos sería deseable lograr dar cuenta de los procesos biomoleculares aludiendo a mecanismos que expliquen el porqué los procesos se dan de la forma en que se dan y no de otra.

Fundamentos de bioquímica

El concepto fundamental que se encuentra detrás del modelo que propongo es el de ‘especificidad’. En la biología molecular esto se refiere a la habilidad de una cierta molécula para “reconocer” la estructura química de otra molécula a la cual se asocia

químicamente. Coloco el término ‘reconocer’ entre comillas (“ ”) porque no considero apropiado atribuir ese tipo de propiedades a objetos inanimados, la capacidad de reconocer cosas, al menos en el sentido en que los seres humanos reconocen las cosas. Prefiero utilizar el concepto de afinidad química en este caso porque en el modelo que propondré aludiré a mecanismos físicos que para nada suponen habilidades extraordinarias de la materia ni nada que coloque en un plano distinto a los procesos biológicos y a los procesos que se dan en el mundo inanimado.

En 1890 el químico alemán Emil Fischer propuso que una enzima actúa sobre su correspondiente sustrato porque actúa como una llave sobre su correspondiente cerradura. Para esto se debe dar una correspondencia que podemos identificar de tipo topológico entre la enzima y el sustrato de manera que la forma de la enzima encaja de manera perfecta en el “hueco” que posee el sustrato para ella. Este modelo conocido como el modelo ‘cerradura-llave’ ha sido fructífero en la bioquímica. Sin embargo, el modelo que propongo, aunque tiene su fundamento en esta idea, va más allá de lo propuesto hasta ahora principalmente porque según se encuentra ahora no es solución aceptable al rompecabezas.

La bioquímica plantea que la interacción entre las moléculas y los átomos que da cuenta de los fenómenos de la vida se explica a base de los enlaces químicos que se forman entre dichas partículas. Se reconocen fundamentalmente cuatro tipos de enlaces entre las biomoléculas: enlaces covalentes, enlaces iónicos, enlaces van der Waals y enlaces hidrofóbicos. Se menciona además en la literatura que existe el enlace de hidrógeno pero este enlace puede verse como un tipo de enlace iónico. La fuerza del enlace es una característica importante. Los enlaces más fuertes son los enlaces covalentes. Por esta razón los átomos unidos por enlaces covalentes siempre pertenecen a la misma molécula. También, la distancia que separa los átomos unidos por enlaces covalentes siempre será menor que la distancia que separa a los átomos que están unidos por enlaces más débiles.

Los enlaces que no son covalentes se clasifican como enlaces débiles, aunque es importante aclarar que son sólo débiles con respecto a los enlaces covalentes, ya que entre ellos también se dan diferentes grados de fortaleza. El más débil de todos es el enlace van der Waals. Este enlace es la atracción que existe entre una molécula y los átomos que la rodea cuando se encuentran cerca, todas las moléculas pueden formar enlaces van der Waals ya que la formación del enlace no depende del hecho de que exista una carga

eléctrica no balanceada como es el caso de los enlaces iónicos. El enlace van der Waals depende mucho de la distancia de separación ya que la fuerza en este caso es inversamente proporcional a la sexta potencia de la separación. También existe una fuerza van der Waals de repulsión que actúa cuando la distancia de separación es menor a la que se asocia a la fuerza van der Waals de atracción. Esta fuerza de repulsión se atribuye al hecho de que a cierta separación las órbitas electrónicas entran en contacto y se solapan entre sí. Cuando las fuerzas van der Waals de atracción y repulsión llegan a equilibrio se establece una distancia de separación fija entre las partículas que se conoce como radio de van der Waals.

Los enlaces iónicos se forman cuando una partícula con carga no balanceada positiva se une con una partícula con carga no balanceada negativa. Los enlaces iónicos son más fuertes que los enlaces van der Waals.

Los enlaces hidrofóbicos se forman en un medio acuoso y se deben a la propiedad del agua de impedir a las moléculas no-polares asociarse mediante enlaces de van der Waals. Así, las moléculas no-polares se arreglarán de tal manera que no entren en contacto con moléculas de agua.

La explicación de la formación de enlaces químicos la provee la mecánica cuántica desarrollada en la década de 1920 a 1930 aproximadamente. Todos los enlaces químicos, ya sean fuertes o débiles tienen su base en la fuerza electrostática. De acuerdo con la mecánica cuántica un enlace puede representarse como una partícula (cuántica) que se encuentra atrapada en un 'pozo de potencial' sin tener la energía suficiente para poder salir del mismo.

Lo mencionado hasta ahora es conocimiento que se ha adquirido y aceptado relacionado con el fenómeno que intentamos explicar. Sin embargo, como ya hemos advertido la biología molecular se ha quedado corta en proveer una explicación adecuada a los procesos que ha descrito. En su libro **Molecular Biology of the Gene** James Watson y demás coautores hacen el siguiente planteamiento con relación a la interacción entre moléculas:

The distribution of charge in a molecule can also be affected by the presence of nearby molecules, particularly if the affected molecule is polar. The effect may cause a nonpolar molecule to acquire a slightly polar character. If the second

molecule is not polar, its presence will still alter the nonpolar molecule, establishing a fluctuating charge distribution (Watson, 1987, 131).

Y un poco más adelante, al hablar de las fuerzas de van der Waals menciona lo siguiente:

van der Waals forces are an effective binding force at physiological temperatures only when several atoms in a given molecule are bound to several atoms in another molecule. Then the energy of interaction is much greater than the dissociating tendency resulting from random thermal movements. For several atoms to interact effectively, the molecular fit must be precise, since the distance separating any two interacting atoms must not be much greater than the sum of their van der Waals radii. Thus, the strongest type of van der Waals contact arises when a molecule contains a cavity exactly complementary in shape to a protruding group of another molecule (Watson, 1987, 132).

Y en general, al hablar de las fuerzas débiles menciona lo siguiente:

Weak Binding forces are effective only when the interacting surfaces are close. This proximity is possible only when the molecular surfaces have **complementary structures**, so that a protruding group (or positive charge) on one surface is matched by a cavity (or negative charge) on another. That is, the interacting molecules must have a lock-and-key relationship. In cells, this requirement often means that some molecules do not have the properties of symmetry necessary for self-interaction (Watson, 1987, 134).

El modelo

Una de las diferencias fundamentales entre los modelos es que el modelo de Fischer sólo se aplica para enzimas y sustratos. El modelo (Teoría de la interacción entre las macromoléculas) que propongo se aplica a las macromoléculas que interactúan en los procesos bioquímicos, o sea, las macromoléculas. Parece ser que este puede considerarse un nivel de la realidad particular en el sentido de que posee unas leyes particulares y las entidades que participan en sus procesos poseen unas propiedades particulares también. Otra diferencia fundamental es que a pesar de que el modelo de Fischer puede considerarse como explicativo en algún sentido, el modelo que planteo es más ambicioso y en caso de

tener referente en el mundo real explicaría gran cantidad de los procesos bioquímicos, al menos en principio.

La novedad del modelo se fundamenta en el concepto de la partícula atrapada en un pozo de potencial. Todo enlace que se da entre las partículas, ya sean átomos o moléculas en este modelo, se considera fundamentado en la idea de que alguna partícula se encuentra atrapada en un pozo de potencial (por lo general un electrón pero en el caso de los enlaces van der Waals podría ser un núcleo atómico). En este modelo a cada molécula se le va a asociar una configuración de pozos de potencial (de ahora en adelante la llamaré 'configuración de pozos') que está determinada de manera fundamental por la estructura de la macromolécula. Estos pozos de potencial pueden verse como agujeros para electrones o agujeros para núcleos de átomos. También a cada molécula se le va a asociar una configuración de partículas (electrones o núcleos de átomos) que potencialmente pueden ser atrapadas en pozos de potencial (de ahora en adelante la llamaré 'configuración de partículas'). El concepto de especificidad aquí entra en juego porque se va a dar cuenta de dicho concepto aludiendo a que existe complementareidad estructural entre la configuración de pozos de y la configuración de partículas.

Hasta aquí no parece haber diferencia entre el modelo de Fischer y el mio, excepto quizá por algunos detalles insignificantes. Sin embargo, mi modelo va a ir más allá al postular su hipótesis fundamental: la configuración de pozos y la configuración de partículas en una cierta molécula se alteran cada vez que una molécula se asocia a la primera. ¿Cómo con este modelo se da cuenta de los procesos bioquímicos que se dan aparentemente como procesos automantenidos? En gran medida lo que hace que los procesos se den son las condiciones físicas y químicas que rodean a las macromoléculas. Estas moléculas adquieren cierta configuración de propiedades tal que en cierto momento pueden alterar sus estructuras para convertirse en complementarias. Así, un proceso inicia cuando una molécula que posee un segmento que es complementario a otra molécula específica logra asociarse con ella. La segunda molécula se asocia a la primera y de esta manera altera la configuración de pozos o la configuración de partículas del complejo de alguna manera. Así, con esta nueva configuración el complejo se convierte en complementario para otra tercera molécula y esto ocasiona que la misma se asocie a la primera. El proceso se sigue dando hasta que la configuración final de las moléculas es tal

que no existe complementareidad entre ninguna de las moléculas terminando así el proceso. Tanto las condiciones como el proceso en sí pueden alterar las condiciones en un momento dado como para que pueda ocurrir, además de asociación de moléculas, disociación de las mismas. Este efecto puede resultar importante, por ejemplo, en los casos en que las células responden a las condiciones del medioambiente.

Aquí es importante plantearse de que manera pueden alterarse la configuración de pozos y la configuración de partículas. Se puede proponer que el acercamiento de partículas con carga eléctrica modifica la configuración de pozos y partículas del complejo de tal manera que la estructura se hace complementaria a otra macromolécula que se puede asociar. La complementareidad de las macromoléculas también puede verse en términos de las estructuras de campo eléctrico que generan, este es el punto de vista electrostático diferente del cuántico que se interpreta en términos de pozos y partículas.

En este modelo los procesos bioquímicos pueden verse en analogía a las figuras que se forman en las competencias de tumbar dominós donde la caída del primero desata una reacción en cadena que no sólo se propaga sino que también desencadena una serie de procesos que se dan simultáneamente. En este sentido las reacciones están determinadas de una manera precisa. Obviamente las condiciones a las que está sometido el organismo tienen que ver en el desarrollo de los hechos pero una vez las condiciones están establecidas no parece haber mucho margen para el azar, al menos a este nivel bioquímico.

A la pregunta de por qué este modelo representaría una solución adecuada al rompecabezas debemos primero aclarar que en términos ontológicos se requiere que el modelo tenga referente en el mundo real. Además en términos empírico-metodológicos se requiere que se tengan en el presente las herramientas metodológico-experimentales para contrastar el modelo. Si se cumplen estos dos requisitos el modelo es una solución al rompecabezas por las siguientes razones:

- 1) Los procesos bioquímicos que en la actualidad son considerados como automantenidos serían explicados mediante principios físicos conocidos.
- 2) Una vez entendida la manera en que las partículas interactúan se abre un periodo de ciencia normal en el cual se tratarán de ajustar los datos acerca de las reacciones bioquímicas al modelo.

- 3) Se habrá logrado progreso en muchos sentidos, en primer lugar progreso erotético porque ya se tendría una teoría en la cual podemos hacer las preguntas apropiadas, en segundo lugar progreso conceptual y explicativo porque habremos entendido los determinantes que están detrás de los procesos que antes se tomaban como autodeterminados, y tercero progreso metodológico, en caso de que se desarrollen técnicas experimentales para contrastar el modelo y hallar aplicaciones. Una posibilidad para explorar en este sentido es a través de modelos de computadora.

Referencias

- 1) Abbagnano, Nicola; **Diccionario de Filosofía**; Fondo de Cultura Económica; México; 1963.

- 2) Alloway, J. L.; *The Transformation In Vitro of R Pneumococci into S Forms of Different Specific Types by the Use of Titered Pneumococcus Extracts*; J. Exp. Med.; 55; 1932; pp. 91-99.

- 3) Arkwright, J. A.; *Variation in Bacteria in Relation to Agglutination both by Salts and by Specific Serum*; J. Path. Biol.; 24; 1921; pp. 36-60.

- 4) Astbury, W. T.; Bell, F. C.; *X-Ray Study of Thymonucleic Acid*; *Nature*; 141; 1938; pp. 747-748.
 — — — *Some Recent Developments in the X-Ray Study of Proteins and Related Structures*; Cold Spring harbor Symp. Quant. Biol.; 6; 1938; pp. 114.

- 5) Avery, O. T.; *Report to the Board of Directors*; Scientific Reports of the Rockefeller Institute; 30; 1941-1942; pp. 128-153.

- 6) Avery, O. T.; MacLeod, C. M.; McCarty, M.; *Studies on the Chemical Nature of the Substance Inducing Transformation of Pneumococcal Types. I. Induction of Transformation by a Desoxyribonucleic Acid Fraction Isolated from Pneumococcal Type III*; J. Exp. Med.; 79; 1944; pp. 137-158.

- 7) Baddiley, J.; Todd, A. R.; *Nucleotides. Part I. Muscle Adenylic Acid and Adenosine Diphosphate*; J. Chem. Soc.; 1947; 648-651.

- 8) Balzer, W.; Moulines, C.U.; Sneed, J.; **An Architectonic for Science**; D. Reidel Publishing Dordrecht; 1987.

9) Bateson, William; **Mendel's Principle of Heredity- A Defence**; Cambridge University Press; W.C.; 1902.

___ **The Scientific Papers of William Bateson**; Punnett, R: C. Editor; Cambridge University Press; Cambridge; 1928.

10) Bateson, William; Saunders, E. R.; Punnett, R. C.; *Further Experiments on Inheritance in Sweet Peas and Stocks: Preliminary Account*; Proceedings of the Royal Society, B, 77; 1905; Reprinted in R. C. Punnett (ed); Scientific Papers of William Bateson, V.2; Cambridge University Press; Cambridge; 1928.

11) Beadle, G. W.; Law, L. W.; *Influence on Eye-Color of Feeding Diffusible Substances to Drosophila melanogaster*; Proc. Soc. Exp. Biol. Med.; 37; 1938; pp. 621-623.

12) Bechtel, William; *The Nature of Scientific Integration*; artículo publicado en Integrating Scientific Disciplines; edited by Bechtel, W.; Dordrecht: Nijhoff; 1986.

13) Bhaskar, Roy; **A Realist Theory of Science**, The Harvester Press; Sussex; 1978.

14) Boivin, A.; *Directed Mutation in Colon Bacilli by an Inducing Principle of Deoxyribonucleic Acid Nature: Its Meaning for the General Biochemistry of Heredity*; Cold Spring Harbor Symp. Quant. Biol.; 12; 1947; pp. 7-17.

15) Borsook, H; Deasy, C. L.; Haagen-Smit, A. J.; Keighley, G.; Lowy P. H.; *Incorporation In Vitro of Labeled Amino Acids into Bone Marrow Cell Proteins*; J. Biol. Chem.; 186; 1950; pp. 297-307.

___ *Incorporation In Vitro of Labeled Amino Acids into Rat Diaphragm Proteins*; J. Biol. Chem.; 186; 1950; pp. 309-315.

16) Brachet, J.; *La localisation des acides pentosenucléiques dans les tissus animaux et les oeufs d'amphibiens en voie de développement*; Archives de biologie; 53; 1942; pp. 207-257.

___ *Recherches sur les interactions biochimiques entre le noyau et le cytoplasme chez les organismes unicellulaires. I. Amoeba proteus*; Biochem. Biophys. Acta; 18; 1955; pp. 247-268.

17) Bridges, Calvin B.; *Direct Proof Through Non-Disjunction that the Sex-Linked Genes of Drosophila are Borne by the X-Chromosome*; Science, N.S.; 40; 1914; pp. 107-109.

18) Bunge, Mario; **La causalidad**; Eudeba; Buenos Aires; 1961.

___ **La investigación científica**; Ariel; Barcelona; 1989.

___ **Metascientific Queries**; Charles C. Thomas; Ill.; 1959.

___ **Method, Model and Matter**; D. Reidel; Dordrecht.

___ *On the Connection Among Levels*; Proc. XIIth International Congress of Philosophy VI; 1960.

___ **Racionalidad y realismo**; Alianza Editorial; Madrid; 1985.

___ **Teoría y realidad**; Editorial Ariel; Barcelona; 1972.

___ **Treatise on Basic Philosophy**; D. Reidel; Dordrecht; 1979.

19) Bunge; Halbwegs; Kuhn; Rosenfeld; Piaget; **Las teorías de la causalidad**; Ed. Sígueme; Salamanca; 1977.

20) Casanueva, Mario; *La red teórica de la hibridación mendeliana*; Desarrollos actuales de la metateoría estructuralista: Problemas y discusiones; Diez, José A. y Lorenzano, Pablo (editores); Universidad Nacional de Quilmes Ediciones; Buenos Aires; Abril de 2002; pp. 231-261.

21) Caspersson, T.; Schultz, J.; Pentose; *Nucleotides in the Cytoplasm of Growing Tissues*; Nature; 143; 1939; pp. 602-603.

- 22) Cohen, S. S.; Arbogast, R.; *Chemical Studies in Host-Virus Interactions. VIII. The Mutual Reactivation of T2r⁺ Virus Inactivated by Ultraviolet Light and the Synthesis of Deoxyribose Nucleic Acid*; J. Exp. Med.; 91; 1950; pp. 637.
- 23) Correns, Carl; **G. Mendels Regel über das Verhalten der Nachkommenschaft der Rassenbastarde**; Berichte der deutschen botanischen Gesellschaft; 18; pp. 158-168.
Traducción al inglés: **G. Mendel's Law Concerning the Behavior of Progeny of Varietal Hybrids**; Leonie Kellen Piernick (trad.); W.H. Freeman; San Francisco; 1966; pp. 119-132.
- 24) Crick; F. H. C.; *On Protein Synthesis*; Symp. Soc. Exp. Biol.; 12; (1958); pp.155.
- 25) d'Hérelle, F.; *Sur un microbe invisible antagoniste des bacilles dysentériques*; Comptes Rendus Acad. Sci.; 165; 1917; pp. 373-375.
- 26) Darden, L.; Maull, N.; *Interfield Theories*; Philosophy of Science; 44; 1977.
- 27) Darden, Lindley; **Theory Change in Science**; Oxford University Press; N.Y.; 1991.
- 28) Dawson, M. H.; *The Transformation of Pneumococcal Types. II. The Interconvertibility of Type-Specific S Pneumococci*; J. Exp. Med.; 51; 1929; pp. 123-147.
- 29) de Vries, Hugo; **Das Spaltungsgesetz der Bastarde; Berichte der deutschenbotanischen Gesellschaft**; 18:83-90. Traducción al inglés: **The Law of Segregation of Hybrids**; en Stern, C y Sherwood E. (ed.); Stern, E. (trad.); *The Origin of Genetics, A Mendel Source Book*; W. H. Freeman; 1900; pp. 107-117.
____ **Intracellular Pangenesis**; trans Stuart Gager; The Open Court Publishing Co.; Chicago; 1910.
- 30) Diez, J. A.; Moulines, C.; **Fundamentos de filosofía de la ciencia**; Editorial Ariel; Barcelona; 1999.

- 31) Dounce, A.; *Duplicating Mechanism for Peptide Chain and Nucleic Acid Synthesis*; *Enzymologia*; 15; 1952; pp. 251-258.
- 32) Dunn, Leslie; **A Short History of Genetics**; Iowa State University Press; Ames; 1991.
- 33) Ferrater Mora, José; **Diccionario de Filosofía**; Editorial Sudamericana; Buenos Aires; 1958.
- 34) Feulgen, R.; Rossenbeck, H.; *Mikroskopisch-chemischer Nachweis einer Nucleinsäure vom Typus der Thymonucleinsäure und die darauf beruhende elektive Färbung von Zellkernen in Mikroskopischen Präparate*; *Hoppe-Seyler's Zeit. Physiol. Chem.*; 135; 1924; pp. 203-208.
- 35) Fischer, E.; *Synthese des Hypoxanthins, Xanthins, Adenins und Guanins*; *Ber. Deutsche Chem. Gessel.* 30; 1897; pp. 2226.
- 36) Fischer, E.; Roeder, G.; *Synthese des Uracils, Thymins, und Phenyluracils*; *Ber. Deutsche Chem. Gessel.*; 34; 1901; pp. 3751.
- 37) Franklin, R. E.; Gosling, R. G.; *The Structure of Thymonucleic Fibres. I. The Influence of Water Content*; *Acta Crystallographica*; 6; 1953; pp. 673-677.
- 38) Griffith, F.; *The Significance of Pneumococcal Types*; *J. Hygiene*; 27; 1928; 113-159.
- 39) Gros, F.; **Les secrets du gène**; Odile Jacob; Paris; 1986; pp. 126-127.
- 40) Gulland, J. M.; *Nucleic Acids*; *J. Chem. Soc.*; 1938; pp.1722-1724.
- 41) Haldane, J. B. S.; *The Biochemistry of the Individual*; en **Perspectives in Biochemistry**; J. Needham, D. E. Green (ed); Cambridge University Press; 1937; pp. 1-10.

- 42) Hammarsten, E.; Jorpes E.; *Eine 'gekoppelte' Nucleinsäure aus Pankreas*; Hoppe-Seyler's Zeit. Physiol. Chem.; 118; 1922; 224-232.
- 43) Hempel, Carl G.; **Philosophy of Natural Science**; Prentice-Hall; N.J.; 1966.
- 44) Hershey, A. D.; Chase, M.; *Independent Functions of Viral Protein and Nucleic Acid in Growth of Bacteriophage*; J. Gen. Physiol.; 36; 1952; pp. 39-56.
- 45) Hollaender, A.; Emmons, C. W.; *Wavelength Dependence of Mutation Production in the Ultraviolet with Special Emphasis on Fungi*; Cold Spring Harbor Symp. Quant. Biol.; 9; 1941; pp. 55.
- 46) Hoagland, M. B.; *Nucleic Acids and Proteins*; Scientific American; 201; 1959; pp. 55-61.
- 47) Ingram, V. M.; *A Specific Chemical Difference between the Globins of Normal Human and Sickle-Cell Anaemia Haemoglobin*; Nature; 178; 1956; pp. 792-794.
 _ _ _ *Gene Mutations in Human Haemoglobin: The Chemical Difference between Normal and Sickle-Cell Haemoglobin*; Nature; 180; 1957; pp. 326-328.
- 48) Jacob, F.; Monod, J.; *Genetic Regulatory Mechanisms in the Synthesis of Proteins*; J. Molec. Biol.; 3; 1961; pp. 354.
- 49) Kossel, A.; *Ueber das Nuclein der Hefe*; Hoppe-Seyler's Zeit. Physiol. Chem. 3; 1879; pp.284.
 _ _ _ *Ueber die Nucleinsäure*; Arch. Anat. Physiol.; 157; 1893; pp. 380.
- 50) Kitcher, Philip; **The Advancement of Science**; Oxford University Press; Oxford; 1993.
- 51) Kuhn, Thomas; **The Structure of Scientific Revolutions**; University of Chicago Press; Chicago; 1970.

- 52) Laudan, Larry; **Progress and its Problems**; University of California Press; Berkeley; 1977.
- 53) Levene, P. A.; *Über die Hefenucleinsäure*; Biochem. Zeit.; 17; 1909; pp. 120-131.
- 54) Levene, P. A.; Jacobs, W. A.; *Ueber Inosinsäure*; Ber. Deutsche Chem. Gessel; 42; 1909; pp. 1198-1203.
____ *Ueber Guanylsäure*; Ber. Deutsche Chem. Gessel; 42; 1909; pp. 2469-2474.
- 55) Levene, P. A.; Mandel, J. A.; *Zur Herkunft der Cytosins bei der Hydrolyse der tierischen Nucleinsäuren*; Biochem. Zeit.; 10; 1908; pp. 233-239.
- 56) Littlefield, J. W.; Keller, E. B.; Gross, J.; Zamecnik, P. C.; *Studies on Cytoplasmic Ribonucleoprotein Particles from the Liver of the Rat*; J. Biol. Chem.; 217; 1955; pp. 111-124.
- 57) Lorenzano, C.; *Una reconstrucción de la bioquímica*; Desarrollos actuales de la metateoría estructuralista: Problemas y discusiones; Diez, José A. y Lorenzano, Pablo (editores); Universidad Nacional de Quilmes Ediciones; Buenos Aires; 2002; pp.209-230.
- 58) Lorenzano, P.; *La teoría del gen y la red teórica de la genética*; Desarrollos actuales de la metateoría estructuralista: Problemas y discusiones; Diez, José A. y Lorenzano, Pablo (editores); Universidad Nacional de Quilmes Ediciones; Buenos Aires; 2002; pp. 263-303.
- 59) Nomura, M; Hall, B. D.; Spiegelman, S.; *Characterization of RNA, Synthesized in Escherichia coli after Bacteriophage T2 Infection*; J. Mol. Biol.; 2; 1960; pp. 306-326.
- 60) Mendel, Gregor; **Versuche über Pflanzen-Hybriden**; Verhandlungen desnaturforschenden Vereines in Brünn; 4; 1865; pp. 1-47.

61) Meselson, M.; Stahl, F. W.; *The Replication of DNA in Escherichia coli*; Proc. Nat. Acad. Sci.; 44; 1958; pp. 671-682.

62) Morange, Michel; **A History of Molecular Biology**; Harvard University Press; Cambridge; 1998.

63) Morgan, Thomas H.; **The Physical Basis of Heredity**; J.B. Lippincott Company; Philadelphia; 1919.

___ *An Attempt to Analyze the Constitution of the Chromosomes on the Basis of Sex-Limited Inheritance in Drosophila*; Journal of Experimental Zoology; 11; 1911; pp.365-413.

___ **The Theory of the Gene**; Yale University Press; New Haven; 1928.

64) Morgan, T.H.; Sturtevant, A.H.; Muller, H.J.; Bridges, C.B.; **The Mechanism of Mendelian Heredity**; Henry Holt and Company; N.Y.; 1915.

65) Müller, H. J.; *Artificial Transmutation of the Gene*; Science; 66; 1927; pp. 84-87.

___ *The production of mutations by X-rays*; Proc. Nat. Acad. Sci.; 14; 1928; pp. 718.

___ *Radiation and Genetics*; American Naturalist; 64; 1930; pp. 220-225.

66) Nägeli, K.; **Entwicklungsgeschichte des Pollens bei den Phanerogamen**; Ovell and Füssli; Zurich; 1842.

67) Nomura, M.; Hall, B. D.; Spiegelman; *Characterization of RNA Synthesized in Escherichia coli after Bacteriophage T2 infection*; J. Molec. Biol.; 2; 1960; pp. 306-326.

68) Northrop, J. H.; *Growth and Phage Production of Lysogenic B. megatherium*; J. Gen. Physiol.; 34; 1951; pp. 715.

69) Palade, G.; *Intracellular Aspects of the Process of Protein Synthesis*; Science; 189; 1975; pp. 347-358.

70) Pauling, L.; Itano, H.; Singer, S.J.; Wells, I. C.; *Sickle Cell Anemia: A Molecular Disease*; Science; 110; 1949; pp. 543-548.

71) Pauling, L.; Corey, R. B.; *Two Hydrogen-bonded Spiral Configurations of the Polypeptide Chain*; J. Amer. Chem. Soc.; 72; 1950; pp. 5349.

72) Pérez, Ana R.; **Kuhn y el cambio científico**; Fondo de Cultura Económica; México; 1999.

73) Portugal, Franklin H.; **A Century of DNA A History of the Discovery of the Structure and Function of the Genetic Substance**; MIT Press; Cambridge; 1979.

74) Putnam, Hilary; *The Corroboration of Theories*; in Schilpp, P.A.; *The Philosophy of Karl Popper*; Open Court; La Salle, Illinois; 1974; pp.221-240.

75) Riley, M.; Pardee, A.; Jacob, F.; Monod, J.; *On the Expression of a Structural Gene*; J. Molec. Biol.; 2; 1960; pp. 216-225.

76) Russell, Bertrand; *Appearance and Reality*; **The Problems of Philosophy**; Oxford University Press; Oxford; 1912).

77) Schlesinger, M.; *Reindartstellung eines Bakteriophagen in mit freien Auge sichtbaren Mengen*; Biochem. Zeit.; 264; 1933; pp. 6-12.

78) Schmidt, G; Levene, P. A.; *The Effect of Nucleoprotein on 'Native' and Depolymerized Thymonucleic Acid*; Science; 88; 1938; pp. 172-173.

- 79) Schrödinger, E.; **What is Life? The Physical Aspects of the Living Cell**; Cambridge University Press; Cambridge; 1944.
- 80) Shapere, Dudley; *Scientific Theories and their Domains*; in Suppe, F. (Ed); *The Structure of Scientific Theories*; University of Illinois Press; Urbana; 1974.
- 81) Stanley, W. M.; *Isolation of Crystalline Protein Possessing the Properties of Tobacco Mosaic Virus*; *Science*; 81; 1935; pp. 644-645.
- 82) Steudel, H.; *Die Zusammensetzung der Nucleinsäuren aus Thymus und das Heringsmilch*; *Hoppe-Seyler's Zeit. Physiol. Chem.*; 49; 1906; pp. 406-409.
- 83) Sutton, Walter; *The Chromosomes in Heredity*; *Biological Bulletin* 4; 1903; pp. 231-251.
- 84) Tatum, E. L.; *Nutritional Requirements of Drosophila melanogaster*; *Proc. Nat. Acad. Sci.*; 25; 1939; pp. 490-497.
 ___ *Development of Eye-Colors in Drosophila: Bacterial Synthesis of v^+ Hormone*; *Proc. Nat. Acad. Sci.*; 25; 1939; pp. 486-490.
- 85) Tatum, E. L.; Beadle, G. W.; *Effect of Diet on Eye-Color Development in Drosophila melanogaster*; *Biol. Bull.*; 77; 1939; pp. 415-522.
- 86) Toulmin, Steven; **Human Understanding**; Princeton University Press; Princeton; 1972.
- 87) Twort, F. W.; *An Investigation on the Nature of Ultra-Microscopic Viruses*; *Lancet*; 2; 1915; pp. 124-143.
- 88) Volkin, E.; Astrachan, L.; *Phosphorus Incorporation in Escherichia coli Ribonucleic Acid after Infection with Bacteriophage T2*; *Virology*; 2; 1956; pp. 149-161.

- 89) Watson, J.D.; Hopkins N.H.; Roberts, J.W.; Steitz, J.A.; Weiner, A.M.; **Molecular Biology of the Gene**; Benjamin/Cummings; California; 1987.
- 90) Wheeler, H. L.; Johnson, T. B.; *Syntheses of Aminooxypyrimidines Having the Composition of Cytosine*; J. Amer. Chem. Soc.; 29; 1903; pp. 492-504.
- 91) Wilkins, M. H. F.; Randall, J. T.; *Crystallinity in Sperm Heads: Molecular Structure of Nucleoprotein in Vitro*; Biochim. Biophys. Acta; 10;1953; pp. 192-193.
- 92) Wilkins, M. H. F.; Gosling, R. G.; Seeds, W. E.; *Nucleic Acid: An Extensible Molecule*; Nature; 167; 1951; pp. 759-760.
- ___ *Crystallinity in Sperm Heads: Molecular Structure of Nucleoprotein In Vitro*; Biochim. Biophys.; 6; 1953; pp. 192-193.
- 93) Wilson, E. B.; **The Cell in Development and Heredity**, 2nd Edition; MacMillan; N.Y.; 1900.

Luis Eduardo Acevedo Gómez
Noviembre de 2004