

Y, dado que de acuerdo con una conocida proposición del cálculo de probabilidades, $P \rightarrow 1$ para $N \rightarrow 1$, tenemos $\ln W + \ln p = 0$, ó²⁷

$$p = e^{NH}, \quad (42)$$

lo que revela una interesante vinculación entre la función- H y una frecuencia relativa (o una probabilidad, si se desea).

Al igual que Wiener, Shannon subrayó la identidad entre la (39) y la fórmula de Boltzmann y propuso referirse a ella como «la entropía del conjunto de probabilidades p_1, p_2, \dots, p_n », pero no debiéramos dejar de observar también una diferencia fundamental entre los dos enfoques. La relación entre la información de Shannon y la función- H es inevitable, ya que el número de mensajes típicos (el elemento básico en la teoría de Shannon) viene dado por la (37) o, para un N grande, por e^{-NH} . Así pues, cualquiera que sea la función de W que elijamos para medir la capacidad de información de un lenguaje, no podemos deshacernos de H . En el caso de mensajes típicos, la fórmula de Wiener (18) da como resultado $-\log(1/W) = \log W = -NH$, que es la misma fórmula que la (38) de Shannon. Sin embargo, para Shannon esto representa una coordenada estrictamente técnica, el número de bits en mensajes típicos de longitud N , mientras que para Wiener la misma fórmula representa la cantidad de información. Además, como lo expliqué en la Sección 4 anterior, el enfoque de Wiener puede ampliarse a la información esperada (o sorpresa esperada); es únicamente entonces cuando H se percibe como fórmula válida para *cualquier* distribución. Ahora bien, esta fórmula no es única; existen muchas otras que no tienen relación alguna con H .

A pesar de la aparición de la función- H tanto en el enfoque de Shannon como en el generalizado de Wiener, esos enfoques no son idénticos, lo que naturalmente no significa que no tengan puntos comunes de contacto.

7. Poco después de que Wiener y Shannon presentasen sus resultados, Weaver resaltó que «cuando se encuentra el concepto de entropía en la teoría de la comunicación, se tiene derecho a estar bastante excitado, derecho a sospechar que se está en presencia de algo que puede resultar básico e importantes». Y, en efecto, la aparición de la fórmula de la entropía en la teoría de la comunicación reactivó las ideas expresadas anteriormente por Szilard y Lewis y condujo a algunos autores a sostener, no sólo que la obtención o transmisión de información produce un aumento en la entropía, sino también que «información es negentropía», como lo expresa un pala-

²⁷ Shannon llega a una fórmula equivalente a través de un camino diferente. Shannon y Weaver, p. 23.

²⁸ *Ibid.*, p. 20.

²⁹ *Ibid.*, p. 103.

dín de esta tesis, L. Brillouin³⁰. La implicación plena de esta postura se pone instructivamente de manifiesto por parte de R. C. Raymond cuando explica que «la entropía de [un] organismo puede definirse como la entropía de equilibrio de los elementos constitutivos del organismo menos la entropía de información necesaria para la síntesis del organismo a partir de los componentes de equilibrio de la entropía conocida»³¹. Tenemos que suponer que podría haber explicado también que la entropía del universo es igual a la del Caos menos la información necesaria para reconstruir el universo a partir del Caos. Más que cualquier otra que conozca, la ilustración de Raymond saca a la superficie los problemas básicos de la tesis en discusión: la definición de información y la equivalencia de esta definición con la entropía física.

La esencia de la ilustración de Raymond se encuentra formalizada en lo que Brillouin denominó el Principio de Negentropía de la Información³². Dice que

$$S^1 = S^0 - I \quad (43)$$

donde S^0 es la entropía de un sistema *parcial* (no aislado) antes de que «un agente externo» insertase en el sistema la cantidad de información I , S^1 es la entropía final del sistema y

$$I = -kNH, \quad (44)$$

siendo k la constante de Boltzmann³³. Es elemental que si la (43) ha de tener algún sentido físico, I debe medirse en las mismas unidades que la entropía, esto es, como constante de Boltzmann. Pero, ¿por qué tendría que estar definida la información por la (44)? El valioso papel desempeñado por la fórmula (38) de Shannon en la teoría de la comunicación y su coincidencia con la función- H de Boltzmann puede como mucho apoyar la elección de la (44) con independencia de la (43), pero en ese caso tenemos que demostrar que la (43) es realmente cierta. Por otra parte, si definimos la cantidad de información por la diferencia $S^0 - S^1$, entonces, como he afirmado en la Sección 2, transformamos la (43) en una tautología y dejamos de todo significado objetivo al Principio de Negentropía de la Información.

³⁰ L. Brillouin, *Science and Information Theory* (2.^a ed., Nueva York, 1962), p. xii (las cursivas son mías). La afirmación de Wiener de que «de igual manera que la cantidad de información en un sistema es una medida de su grado de organización, la entropía de un sistema es una medida de su grado de desorganización» (*Cybernetics*, p. 11), parece ser diferente de la de Brillouin.

³¹ R. C. Raymond, «Communication, Entropy, and Life», *American Scientist*, XXXVIII (1950), p. 277.

³² Brillouin, *Science and Information*, cap. 12; «Physical Entropy and Information», *Journal of Applied Physics*, XXII (1951), pp. 338-343; «The Negentropy Principle of Information», *ibid.*, XXIV (1953), pp. 1.152-1.163.

³³ Para esta constante, véase el Capítulo VI, Sección 1.

Una contracción detallada de este principio ofrecido por Brillouin se reduce a nuestra identidad (41). Únicamente él sostiene que $k \log P$ es la entropía física del sistema y $k \log p$ la entropía del mensaje dado, y define su diferencia, $-k \log W$, como la cantidad de información contenida en el mensaje, que, para un N grande, se reduce a la (44)³⁴. Sin embargo, es evidente que la relación así establecida no coincide con la (43). Una contracción más sencilla, ofrecida igualmente por Brillouin, se basa de modo semejante en la identidad algebraica y no es mucho más esclarecedora³⁵. Traducir los términos de una identidad formal en términos concretos no es precisamente el modo más adecuado de establecer una verdad objetiva. El peligro se ve todavía con mayor claridad en el caso del Principio de Negentropía de la Información, puesto que, como ya hemos visto, H es susceptible de diferentes interpretaciones concretas. Ahora bien, la razón de por qué la idea de que este principio puede ser cierto después de todo y de que la (43) y la (44) no hacen más que confirmar que debe abandonarse ha sido subrayada por más de un especialista en comunicación. La fórmula (39) de Shannon proporciona únicamente el número de bits por señal en una codificación óptima; por lo demás, «es una apreciable desviación de la entropía física»³⁶.

Para poder distinguir lo blanco de lo negro, e incluso de lo gris, tanto en el Principio de Negentropía de la Información como en las diversas afirmaciones basadas en él, vamos a incluir en una sola imagen todos los elementos que se encuentran explícita o implícitamente implicados en el mismo. Sea un sistema aislado dividido en dos subsistemas, U y U_1 , y sean las respectivas entropías en t_0 $S^0 > S_1^0$. Sea $S_1^1 - S_1^0$ el aumento de la entropía de U_1 causado por las operaciones necesarias para obtener cierta información I que se trasmite inmediatamente a U . U_1 es «el agente externo» de Brillouin y U es el sistema no aislado al que se refiere la (43). Así, por ejemplo, U puede ser inicialmente una cinta magnética en blanco en la que posteriormente se graba un mensaje determinado con ayuda de la negentropía perdida por U_1 . Para el caso, podemos ignorar también, como nos invita a hacerlo Brillouin, todos los aumentos de entropía no relacionados con las operaciones de obtención y transmisión de la información³⁷. El resultado final es evidente. La entropía de ambos subsistemas se altera. El Principio de Negentropía de la Información afirma que la entropía del subsistema U es $S^0 - I$, donde I es la cantidad de información dada por la (44).

³⁴ Brillouin, «Physical Entropy», pp. 340-342.

³⁵ Brillouin, *Science and Information*, pp. 152 y s.

³⁶ D. Gabor, «Communication Theory and Physics», *Philosophical Magazine*, XLI (1950), p. 1.169.

³⁷ Brillouin, *Science and Information*, p. 231.

Incluso aunque se nos diga que «sólo la información ligada a determinados problemas físicos específicos... se considerará relacionada con la entropía»³⁸ —y, por supuesto, la cinta mencionada antes pertenece a esta categoría—, un aspecto sigue sin estar claro. En el caso de que la cinta *no* estuviese inicialmente en blanco, ¿no sería posible que el mensaje grabado posteriormente aumentase su entropía inicial Y , por tanto, que $S^0 < S^1$? Dado que esta posibilidad no está totalmente excluida, ¿tendríamos que cambiar el signo de I en la (43) y decir que, en este caso, hemos grabado *neginformación*? Posiblemente, en la realidad diríamos eso, porque si «la información puede cambiarse en negentropía y *vice versa*» —como sostiene Brillouin³⁹— entonces, naturalmente, la neginformación tendría que transformarse en entropía. La equivalencia debe actuar en ambos sentidos. Creo que este punto indica que el Principio de Negentropía de la Información es únicamente un mero juego de palabras: la negentropía sustituye a una reducción de la entropía en un subsistema y la información sustituye a la negentropía. Y me temo que estamos equivocados al creer que con ese principio hemos conseguido algo importante y novedoso. El riesgo que corremos es el de hacer generalizaciones excesivas.

Una vez que hemos empezado a pensar que la información y la negentropía son dos conceptos equivalentes pero no idénticos, nada parece más natural que seguir adelante y afirmar que «la cantidad de negentropía utilizada en el descubrimiento de una ley científica es proporcional a la «información absoluta» contenida en esa ley»⁴⁰. Pasando por alto el hecho de que en esta afirmación «información» no tiene ya el mismo significado que en la (44), podemos leerla como

$$(45) \quad S_1^1 - S_1^0 = \alpha I,$$

donde α tiene que ser una constante universal. Esta relación establece el aumento de la entropía del subsistema U_1 considerado arriba. A pesar de que la (45) es una proposición mucho más potente que la (43), no existe ni siquiera un intento de demostrarla. De hecho, creo que no puede demostrarse, pero, en todo caso, aceptémosla como válida. La entropía del sistema en su conjunto, $U + U_1$, ha aumentado así en $(\alpha - 1)I$, que debe ser estrictamente positivo a la vista del hecho de que mientras tanto el sistema ha producido algo. En consecuencia, para nosotros la idea de que $\alpha = 1$ no debería haber ocurrido nunca, por la sencilla razón de que hubiera sido tanto como hacer contrabando de entropía. Sin embargo, leemos que «una información debe pagarse siempre en negentropía, siendo el precio

³⁸ *Ibid.*, p. 152.

³⁹ *Ibid.*, p. 184. Las cursivas son mías.

⁴⁰ L. Brillouin, «Thermodynamics and Information Theory», *American Scientist*, XXXVIII (1950), p. 597.

pagado mayor que (o igual a) la cantidad de información recibida»⁴¹. El contrabando de entropía se encuentra aún más fuertemente implícito en el esquemático análisis del demonio de Maxwell realizado por Brillouin. Con ayuda de la información (negentropía) introducida en el subsistema U por una linterna (nuestro subsistema U_1), el demonio «acciona la trampilla y reconstruye la entropía negativa, completando así el ciclo

negentropía \rightarrow información \rightarrow negentropía»⁴².

Una primera dificultad que se presenta con este ciclo tendría que ser evidente. La negentropía se gasta no sólo en obtener información sino también al utilizarla (de hecho, incluso en mantenerla almacenada intacta). Así, al accionar la trampilla, el demonio debe utilizar alguna negentropía adicional y , a no ser que aceptemos la paradoja de Maxwell como anti-demonstración de la Ley de la Entropía, esa negentropía adicional no podría recuperarse por las actuaciones del demonio. Mucho menos podríamos decir entonces que esas manipulaciones van a recuperar en parte la negentropía gastada en obtener la información.

Una segunda dificultad hace referencia a la cuestión anterior de qué es lo que se mide por la (44) y , por tanto, de cuál es el significado operativo exacto de la (43). Como se admite explícitamente por Brillouin y por la mayoría de los autores de la teoría de la información, la cantidad de información definida por la (44) hace abstracción por completo del elemento pensamiento⁴³. Dicho de otra forma, las notas de una sinfonía de Beethoven mezcladas a discreción seguirían siendo una «sinfonía». Supongamos que grabamos en una cinta la información que necesita el demonio, pero que mezclamos los sonidos de forma que el mensaje se haga totalmente ininteligible. Dado que la mezcla no reduce la cantidad de información *tal como se define en la (44)*, ¿afirmaríamos que el demonio puede seguir utilizando esa información para accionar eficientemente la trampilla?

Otro mérito reclamado por la teoría de la información es una presunta generalización de la Ley de la Entropía⁴⁴. Se obtiene cambiando en la relación (43) el signo de los términos de la entropía, de forma que $\bar{S} = -S$ sea la negentropía. Se supone así que la nueva relación, $\bar{S}^1 = \bar{S}^0 + I$, significa que la negentropía total de un sistema se compone de negentropía e infor-

mación. El hecho de que la entropía total no pueda reducirse se expresa así por la desigualdad

$$(46) \quad \Delta(\bar{S} + I) \leq 0$$

que se presenta como una generalización de $\Delta S \geq 0$. Pero, de nuevo, no encontramos comentario alguno sobre el significado objetivo de esta nueva ley establecida por medio de una mera manipulación de palabras y símbolos, y yo mismo me pregunto qué es lo que dentro de la teoría de la información podría impedirnos sustituir la (46) por

$$(47) \quad \Delta I \leq 0,$$

como, recordemos, propuso G. N. Lewis para expresar la Ley de la Entropía. Al menos, la última relación no plantea el problema de la conversión de S en I , y viceversa.

8. Está fuera de toda duda que existen ciertas conexiones y similitudes entre la negentropía y la información, entendida ésta como figura de conocimiento provechoso. En primer lugar, está el hecho, expresado por nuestra relación (15), de que no puede obtenerse, transmitirse o recibirse ninguna información sin gasto de cierta energía libre. En segundo lugar, al igual que la energía libre (negentropía), la información está sujeta a degradación: si se transmite, puede hacerse parcialmente incomprensible; si se recibe, puede estropearse por los errores de la grabación; si se almacena, se ve gradualmente erosionada por la inevitable degradación entrópica de estructuras ordenadas⁴⁵.

Son hechos como éstos los que muy probablemente alimentaron la noción de una equivalencia entre la negentropía e información, como se ha bosquejado en la sección precedente. Ahora bien, una vez que se adoptó el término «información» como nueva etiqueta para lo que Shannon originalmente llamó negentropía mantenida en el cable por el que se transmitía un telegrama (noción sólo vagamente relacionada con información en el sentido habitual), la confusión entre los dos significados de «información» se convirtió en un riesgo inevitable. Posiblemente, sin la adopción de esta expresión el nuevo esfuerzo no hubiera tenido el lustre externo que, en mi opinión, es responsable de la insólita agitación causada por la teoría de la información. Piénsese, por ejemplo, en un físico de la talla de Broglie, quien primeramente sostuvo que hasta una analogía entre negentropía e información, «pese a ser instructiva y atractiva, está repleta de dificultades», pero que últimamente parecía inclina-

⁴¹ Brillouin, «The Negentropy Principle», p. 1.153. Las cursivas son mías.

⁴² Brillouin, *Science and Information*, p. 164. La idea de que la información puede utilizarse para reducir la entropía del sistema en el que actuamos y , de este modo, «recuperar parte de la negentropía previamente usada al obtener la información» (Brillouin, «The Negentropy Principle», p. 1.153) parece ser una afirmación categórica de la teoría de la información.

⁴³ Brillouin, *Science and Information*, pp. x-xi y 155; «Negentropy and Information in Telecommunications, Writing, and Reading», *Journal of Applied Physics*, XXV (1954), p. 599. También Shannon, citado en la nota 23 anterior.

⁴⁴ Brillouin, *Science and Information*, pp. 153-156.

⁴⁵ Brillouin («Thermodynamics and Information», p. 595) habla de «una ley de degradación de la información absoluta, muy semejante a la famosa ley de degradación de la energía establecida por Lord Kelvin». Curiosamente, en esta ocasión hace referencia a la degradación del *valor* de la información: las leyes de Newton, por ejemplo, no tienen ya actualmente el valor que tuvieron anteriormente.

do a aceptar la reclamada generalización de la Ley de la Entropía, antes mencionada⁴⁶.

En realidad, en la literatura de la teoría de la información las advertencias de que la «información» *I* debe entenderse no como conocimiento sino estrictamente en el sentido específico en que viene definida por la (44), caso de hacerse, se ven ampliamente superadas por afirmaciones basadas en meros deseos. Leemos, por ejemplo, que el Principio de Negentropía de la Información «es de aplicación en diferentes campos de la física, de la tecnología e, incluso, en algunos problemas muy generales del conocimiento humano»⁴⁷. Tales observaciones nos recuerdan similares afirmaciones de que las máquinas pueden pensar, afirmaciones que partieron del hecho de que «pensamiento» tiene un significado diferente de pensamiento⁴⁸. Aquí, también, las afirmaciones pasan por alto que «información» no es información. Por otro lado, hasta el fundador de la cibernética declaró energicamente que «información es información, no materia o energía», lo que supone que tampoco es entropía⁴⁹. Parece que para algunos todo esto ha sido en vano.

Una y otra vez, podemos ver el peligro de llamar al pan, «pan», y al vino, «vino», en base a que existe cierta semejanza entre los dos y a que la terminología científica no debería confundirse con la jerga común; sin embargo, nuestras mentes no pueden ser sencillamente esquizofrénicas hasta el punto de mantener totalmente separadas ambas terminologías. Lo que Bentham dijo acerca de «utilidad» y lo que he dicho en otro lugar de este trabajo sobre «continuo» y «pensamiento» es de aplicación a «información» en la teoría de la información: se trata de una palabra desafortunadamente elegida para lo que pretende indicar.

⁴⁶ Louis de Broglie, *New Perspectives in Physics* (Nueva York, 1962), pp. 66 y 72 y s.

⁴⁷ Brillouin, «The Negentropy Principle», p. 1.153 (las cursivas son mías); también *Science and Information*, p. xi.

⁴⁸ Véase el Capítulo III, Sección 10, anterior.

⁴⁹ Wiener, *Cybernetics*, p. 132.

APÉNDICE C

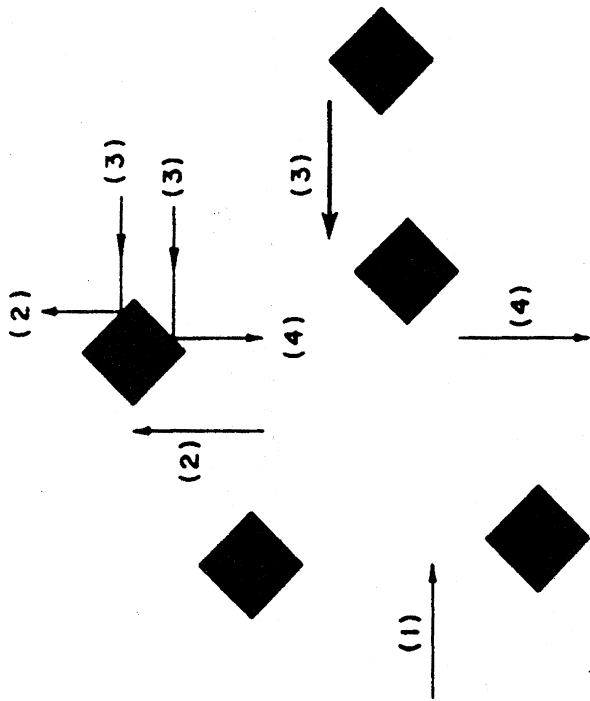
UN MODELO SIMPLE DEL TEOREMA-H DE BOLTZMANN

P. y T. Ehrenfest idearon un modelo extraordinariamente simple con el fin de ilustrar cómo las colisiones en un sistema de partículas que obedecen únicamente a las leyes de la locomoción provocan un estado caótico, siempre que el sistema satisfaga el postulado estadístico (mencionado en el Capítulo VI, Sección 2). El modelo se usa con la misma intención por algunos manuales de mecánica estadística¹. Posee la gran ventaja de que no requiere estar especialmente familiarizado con la ciencia de la termodinámica y, por tanto, su análisis es accesible incluso al no iniciado. Curiosamente, no obstante, si un no iniciado (como yo mismo) prosigue este análisis más allá de lo que normalmente se hace, descubrirá que, de hecho, el modelo pone al descubierto los defectos acumulativos de la pretensión de que el enfoque estadístico constituye un puente entre la locomoción y los fenómenos termodinámicos. En concreto, semejante análisis confirma la cuestión, a la que me referí anteriormente, de que la existencia de colisiones hace que la mayor parte de los argumentos formales de la mecánica estadística sea inútil con respecto a los sistemas reales.

Imaginemos un gran número de partículas que se mueven en un plano, teniendo cada una de ellas inicialmente sólo uno de los cuatro sentidos de velocidad indicados en la Figura 4. En el mismo plano, hay también numerosos obstáculos consistentes en cuadrados iguales distribuidos de forma irregular y orientados tal como se muestra en negro en el mismo gráfico. Es evidente que el sentido de la velocidad de una partícula tras colisionar con un obstáculo puede cambiar en uno de otros dos sentidos. Así, por ejemplo, el sentido 1 puede cambiar bien en el 2 o en el 4, pero no en el 3. Existen entonces sólo cuatro «estados» (sentidos) en el sistema en todo momento.

¹ P. y T. Ehrenfest, *The Conceptual Foundations of the Statistical Approach in Mechanics* (Ithaca, N. Y., 1959), pp. 10-13. También D. ter Haar, *Elements of Statistical Mechanics* (Nueva York, 1954), pp. 336-339.

Figura 4



Sea $N_1^n, N_2^n, N_3^n, N_4^n, \Sigma N_i^n = N$, el número de partículas en cada estado en el momento t_n . Sea N_{ij}^n el número de partículas que, como resultado de las colisiones que tienen lugar durante el intervalo de tiempo $\Delta t_n = t_{n+1} - t_n$, han cambiado del estado i al estado j . Como podemos elegir Δt_n tan pequeño como para que ninguna partícula colisione con más de un obstáculo durante tal intervalo, tenemos $N_{13}^n = N_{24}^n = N_{31}^n = N_{42}^n = 0$. El postulado estadístico dice así que la distribución de las partículas en t_n es tal que

$$(1) \quad \begin{aligned} N_{12}^n &= N_{14}^n = \kappa N_{11}^n, & N_{23}^n &= N_{21}^n = \kappa N_{22}^n, \\ N_{34}^n &= N_{32}^n = \kappa N_{33}^n, & N_{41}^n &= N_{43}^n = \kappa N_{44}^n. \end{aligned}$$

Evidentemente, debemos tener $0 < 2\kappa \leq 1$. A partir de la (1) obtenemos

$$(2) \quad \begin{aligned} N_1^{n+1} &= \kappa(N_2^n + N_4^n - 2N_1^n) + N_1^n, \\ N_2^{n+1} &= \kappa(N_1^n + N_3^n - 2N_2^n) + N_2^n, \\ N_3^{n+1} &= \kappa(N_2^n + N_4^n - 2N_3^n) + N_3^n, \\ N_4^{n+1} &= \kappa(N_1^n + N_3^n - 2N_4^n) + N_4^n, \end{aligned}$$

y además,

$$(3) \quad \begin{aligned} N_1^{n+1} - N_3^{n+1} &= (1 - 2\kappa)(N_1^n - N_3^n), \\ N_2^{n+1} - N_4^{n+1} &= (1 - 2\kappa)(N_2^n - N_4^n), \\ N_1^{n+1} + N_3^{n+1} - N_2^{n+1} - N_4^{n+1} &= (1 - 4\kappa)(N_1^n + N_3^n - N_2^n - N_4^n). \end{aligned}$$

Este sistema da como resultado

$$(4) \quad \begin{aligned} N_1^n - N_3^n &= (N_1^0 - N_3^0)(1 - 2\kappa)^n, \\ N_2^n - N_4^n &= (N_2^0 - N_4^0)(1 - 2\kappa)^n, \\ N_1^n + N_3^n - N_2^n - N_4^n &= (N_1^0 + N_3^0 - N_2^0 - N_4^0)(1 - 4\kappa)^n. \end{aligned}$$

Consideremos primero el caso en que $0 < 1 - 2\kappa < 1$, cuando $|1 - 4\kappa| < 1$. En combinación con $\Sigma N_i^n = N$, las relaciones (4) dan para $n \rightarrow \infty$

$$(5) \quad \lim N_1^n = \lim N_2^n = \lim N_3^n = \lim N_4^n = N/4.$$

Ahora, si el estado inicial es caótico, esto es, si $N_1^0 = N_2^0 = N_3^0 = N_4^0$, la (2) indica que el sistema continuará siempre en el mismo estado. Si el estado inicial no es caótico, entonces la (5) indica que tenderá hacia un estado caótico. De este modo, hemos alcanzado el resultado obtenido por los Ehrenfest².

Sin embargo, para $\kappa = 1/2$, las relaciones (4) dan

$$(6) \quad \begin{aligned} N_1^n &= N_3^n = N/4 + (-1)^n(N_1^0 + N_3^0 - N_2^0 - N_4^0)/4, \\ N_2^n &= N_4^n = N/4 - (-1)^n(N_1^0 + N_3^0 - N_2^0 - N_4^0)/4. \end{aligned}$$

En este caso, el sistema mecánico no tiende hacia un estado caótico, a no ser que se obtenga también la condición inicial especial $N_1^0 + N_3^0 = N_2^0 + N_4^0 = N/2$. Supongo que esta excepción podría dejarse de lado en virtud de la argumentación de que siempre podemos tomar Δt_n tan pequeño como para tener $\kappa < 1/2$.

Ahora bien, si aceptamos esta última opinión, podemos tomar Δt_n tan pequeño como para hacer $\epsilon = (\Delta N_i^n)/N_i$ tan pequeño como deseemos. En base a esto, podemos demostrar además que el teorema-H de Boltzmann, en su forma estricta, es cierto para el modelo que se considera. A partir de la (2), tenemos

$$(7) \quad \begin{aligned} \Delta N_1^n &= \kappa(N_2^n + N_4^n - 2N_1^n), \\ \Delta N_2^n &= \kappa(N_1^n + N_3^n - 2N_2^n), \\ \Delta N_3^n &= \kappa(N_2^n + N_4^n - 2N_3^n), \\ \Delta N_4^n &= \kappa(N_1^n + N_3^n - 2N_4^n). \end{aligned}$$

² Un aspecto interesante es que el mismo resultado se deriva de condiciones mucho más generales. Las relaciones (5) se obtienen incluso aunque κ se sustituya en la (1) por κ_n , siempre que sigamos teniendo $0 < 1 - 2\kappa_n < 1$ para todo $n \geq 0$.

³ Este extraño caso de un sistema que, aun cuando inicialmente no es caótico, deviene caótico tras un primer intervalo Δt_0 , es una interesante ilustración de cuánto se supone por parte de la interpretación estadística de la termodinámica.

Dado que podemos despreciar ahora los términos de segundo orden de pequeñez con respecto a ϵ , a partir de la fórmula de Boltzmann $H = \sum N_i \ln(N_i/N)/N$ y de la (7) obtenemos

$$(8) \quad N \Delta H^n = \sum \Delta N_i^n \ln N_i^n = \kappa \sum (N_i^n - N_j^n) \ln (N_i^n / N_j^n) \leq 0,$$

donde los subíndices en la última suma se toman en sentido circular. Esto demuestra el teorema.

Pero examinemos de nuevo críticamente las demostraciones anteriores. Podemos observar, en primer lugar, que (como se destacó en el Capítulo VI, Sección 2) nada nos impide suponer que las relaciones (1) son ciertas en la realidad para *m* valor de *n*. Sin embargo, la prueba de los resultados (5) y (8) exige que se satisfagan las mismas relaciones para *cualquier n*; y no hace falta decir que esta exigencia no se satisface más que por algunos modelos especialmente diseñados.

En segundo lugar, la contrarrestación de la (8) exige además que seamos libres de escoger Δt_n tan pequeño como para que ϵ sea lo suficientemente pequeño. La condición explícita es que $\kappa = \kappa_0 \Delta t_n$, esto es, que el propio κ sea de primer orden de magnitud con respecto a Δt_n . Lo potente que esta condición es en relación con la (1) puede verse imaginando Δt_n tan pequeño que ninguna partícula colisione con ningún obstáculo durante ese intervalo. Hay aquí una cuestión conflictiva relacionada con el carácter discreto de las fases a cuyo través pasa el sistema a la vez que el tiempo varía *continuamente*. Esta cuestión irrumpe de golpe incluso aunque admitamos que existe una secuencia infinita $[t_n]$ tal que (1) sea cierta para todo t_n y también que κ es tan pequeño como para que ϵ sea suficientemente pequeño, porque lo que podemos demostrar así es únicamente que las (5) y (8) son ciertas para una secuencia discreta de instantes $[t_n]$. Por consiguiente, no se dice nada acerca del estado del sistema en cualquier $t \neq t_n$. Es decir, no sabemos en absoluto si N_i , el número de partículas en el estado i cuando $t \neq t_n$, tenderá hacia $M/4$ para $t \rightarrow \infty$, ni sabemos si ΔH^n aumentará entre t y t' si t y t' no pertenecen a la secuencia $[t_n]$.

En tercer lugar, ignoremos los problemas mencionados antes y supongamos que nuestro sistema satisface el postulado estadístico expresado por la (1). Consideremos entonces el sistema obtenido invirtiendo todas las velocidades en t_n , $n > 0$. Este sistema no satisface el postulado estadístico exigido para probar nuestros teoremas (5) y (8), porque, en caso de hacerlo, las relaciones (3) seguirían siendo válidas después de haber sustituido κ por algún κ' y haber intercambiado n con $n + 1$. Esta condición da como resultado $(1 - 2\kappa)(1 - 2\kappa') = 1$, lo que, a la vista del hecho de que $0 \leq 1 - 2\kappa < 1$ y $0 \leq 1 - 2\kappa' < 1$, no puede ser cierto⁴.

⁴ Evidentemente, no puede decirse nada sobre el sistema obtenido invirtiendo todas las velocidades en t_0 .

APÉNDICE D

ANALOGÍAS DE LA CURVA-H DE BOLTZMANN

Boltzmann concibió varias analogías elocuentes para explicar cómo se refleja la Ley de la Entropía en su curva- H . Con el fin de examinar de nuevo una de esas analogías, consideremos una serie de lanzamientos de una moneda perfecta y hagamos $e_k = 1$ ó 0 , según que el lanzamiento k -ésimo muestre o no «colas». Sea n un número entero dado y sea $a_i = e_i + e_{i+1} + \dots + e_{i+2n-1}$ una suma $2n$ -móvil de la serie (e_i) . Trazando los puntos

$$(1) \quad x_i = \frac{i}{n}, \quad y_i = \left| 1 - \frac{a_i}{n} \right|,$$

obtenemos lo que Boltzmann denomina la curva- H de esta «lotería». Constituye una cuestión elemental de la estadística que muchos de esos puntos se encuentran cerca del eje de abscisas, mientras que aquellos para los que y_i está próxima a la unidad son acontecimientos sumamente raros. Boltzmann tiene razón al concluir que es más probable que estos últimos puntos sean «máximos» de la curva- H antes que encontrarse en una pendiente ascendente o descendente: $y_{i-1} < y_i > y_{i+1} < y_i$ es más probable que $y_{i-1} \geq y_i \geq y_{i+1}$. La conclusión puede verificarse por medio del álgebra ordinaria, pero es demasiado complicado incluirlo aquí. Sin embargo, la misma álgebra muestra un aspecto no tratado por Boltzmann: si y_i se encuentra muy cerca de cero, existe casi la misma probabilidad para $y_i < y_{i+1}$ que para $y_i \geq y_{i+1}$. Es decir, a través de la analogía propuesta, las posibilidades de que un estado caótico, una vez alcanzado, se perpetúe por sí mismo durante largo tiempo no son mayores de lo que Boltzmann pretende en términos generales al defender su formulación de la Ley de la Entropía.

Una de las diferencias entre los microestados reales de un gas y el ejemplo analítico que es crucial para el punto de Boltzmann referido a la «tendencia» media de la curva- H se refiere a la estructura especial de la se-

¹ Véase la nota 24 del Capítulo VI anterior.

rie (a_i). Es decir, si $y_i = 1$, las probabilidades de que $y_{i+1} = 1$ y $y_{i+1} < 1$ son las mismas, $1/2$. Además, si $y_i = 1$ e $y_{i+1} = 1 - 1/n$, entonces obviamente $y_{i+k} \leq y_{i+2}$ para todo $k \leq 2n$. Una proposición semejante es válida para el caso en que $y_i = 1$, $y_{i+1} = 1 - 1/n$, $y_{i+2} \leq y_{i+1}$. A través de la analogía propuesta, esto significa que, si la entropía empieza a aumentar a partir de su nivel más bajo, es posible que no pueda volver a él antes de que el sistema experimente N cambios adicionales, siendo N el número de partículas en el sistema. En el caso de un gas, este número es del orden de 10^{23} , una magnitud impresionante. Por otra parte, no puede suponerse en absoluto que sea equ probable que los microestados eviten que una molécula que causó el cambio desde $y_i = 1$ a $y_{i+1} = 1 - 1/n$ vuelva después a su estado anterior. Por el contrario, la fórmula de la probabilidad termodinámica —la (5) ó (6) del Capítulo VI— se basa en la hipótesis de completa independencia de los sucesivos microestados. Es decir, todo macroestado puede ir seguido inmediatamente por otro menos probable. Existe así una discrepancia entre la probabilidad termodinámica de Boltzmann y su «lotería»: en la lotería, a_i en vez de ser independiente de todo a_j , está estocásticamente correlacionado con a_{i+1} , a_{i+2} , ..., a_{i+2n-1} . Es posible que, sin darse cuenta, Boltzmann intentase reflejar en la analogía la idea intuitiva de que debe haber alguna «correlación» entre los sucesivos macroestados. En efecto, es difícil imaginar que durante un breve intervalo de tiempo, Δt , las moléculas de gas en una esquina del recipiente tienen la misma «posibilidad» de colisionar con las situadas en la esquina opuesta que con las más próximas³. Sin embargo, por muy intuitiva que pueda ser esta idea, Boltzmann no hizo alusión alguna a ella, debido probablemente a que tal cosa le hubiese enfrentado de nuevo a la diferencia fundamental que existe entre una secuencia estocástica y la secuencia de fase de un sistema mecánico.

² Si, por el contrario, cada a_i está determinado por un lanzamiento independiente de $2n$ monedas a la vez, la probabilidad de $y_{i+1} = 1$ es independiente de que y_i sea igual o no a 1 y es siempre igual a $1/2^n$. Para determinar el número medio de los casos para los que $y_i = 1$ en una secuencia de N a_i sucesivos, Boltzmann utiliza esta fórmula (lo que es un error).

³ Véase P. W. Bridgman, *Reflections of a Physicist* (2.ª edic., Nueva York, 1955), pp. 255-257.

APÉNDICE E

LOS TEOREMAS DE BIRKHOFF

Sea D un espacio cerrado y T una transformación unívoca de D en sí mismo. Es decir, T es tal que todo punto M de D corresponde aquí a un, y sólo a un, punto $M_1 = T(M)$ de D , y viceversa. Además, sea T una medida que preserve la transformación, lo que significa que, si el subconjunto S de D se transforma en el subconjunto S' , entonces S y S' tienen la misma medida. Designemos por $f_n(M;S)$ la frecuencia relativa de los puntos

$$(1) \quad M, M_1 = T(M), M_2 = T(M_1) = T^2(M), \dots, M_n = T^n(M)$$

que pertenecen a un subconjunto dado S de D .

El teorema «ergódico» de Birkhoff¹ dice que, si T tiene las propiedades mencionadas arriba,

$$(2) \quad \lim_{n \rightarrow \infty} f_n(M;S) = f(M;S).$$

En otras palabras, la frecuencia relativa f_n tiene un límite que no sólo depende de S sino también de M .

Supongamos que T posee también la siguiente propiedad: la medida de cualquier subconjunto propiamente dicho S de D que a través de T se transforma en sí mismo es cero o igual a la de D . En este caso, se dice que T posee la propiedad de *transitividad métrica*, o *indivisibilidad*, o *ergodicidad*. El segundo teorema de Birkhoff² dice que, bajo esta estricta condición,

$$(3) \quad \lim_{n \rightarrow \infty} f_n(M;S) = \frac{\text{Medida de } S}{\text{Medida de } D} = f(S).$$

¹ Véase la nota 40 del Capítulo VI anterior.

² Véase la nota 37 del Capítulo VI anterior.

En otras palabras, el límite de f_n es el mismo cualquiera que sea el estado inicial. Por consiguiente, todos los estados *brutos* aparecerán con la misma frecuencia en cualquier sistema mecánico que sea métricamente transitivo.

A efectos de poner un ejemplo de una transformación continua no transitiva, relacionada con nuestro sistema simple de una bola de billar perfectamente elástica³, sea D el cuadrado $0 < x \leq 1, 0 \leq y \leq 1$, y hagamos que $M_1(x + y, y)$ o $M_1(x + y - 1, y)$ corresponda a $M(x, y)$, según que $x + y \leq 1$, ó > 1 . Se trata de una transformación unívoca que transforma D en sí mismo y preserva el área, pero que no es ergódica: el subconjunto $0 < x \leq 1, 0 < a \leq y \leq b < 1$, de área $b - a \neq 0$, se transforma en sí mismo. Para $M_0(x_0, y_0)$ e y_0 irracional, la frecuencia de $f_n(M_0, S)$ tiende hacia σ , siendo σ la medida lineal de la intersección de S con la línea $y = y_0$. Evidentemente, σ puede tener cualquier valor entre 0 y 1. Para y_0 racional, la transformación de la intersección de D y la línea $y = y_0$ es nuevamente no transitiva y, por tanto, no es aplicable la (3); el límite de $f_n(M_0, S)$ depende también de M_0 .

APÉNDICE F

PROBABILIDAD Y DIMENSIÓN TEMPORAL

1. Las proposiciones que nos llegan a través de una dilatada estirpe de autoridades tienen tendencia a ser sorprendentemente resistentes. Tal parece suceder en el caso de la proposición que he denunciado por falsa en el Capítulo VI, Sección 4:

A. Si un acontecimiento incierto no ha ocurrido durante una serie de observaciones, es que no hemos esperado lo suficiente.

Esta proposición no sólo surge de forma regular en nuestras conversaciones sobre algunos de los problemas relacionados con la probabilidad sino que aparece en las argumentaciones formales de más de una autoridad en la materia. Hasta una autoridad en el campo de las probabilidades como Henri Poincaré intentó defender la rigurosidad lógica de la terminología estadística afirmando que «existe la posibilidad de que debamos esperar mucho tiempo para que concurren las circunstancias que permitirían una retrogradación [de entropía]; pero más pronto o más tarde ocurrirán, tras un número de años que tendríamos que escribir con millones de cifras»¹. Más recientemente, A. Wald ha invocado una idea equivalente al defender la escuela frecuentista de probabilidad². De hecho, la idea es absolutamente fundamental para esa escuela de pensamiento; hay que recordar que los frecuentistas definen el coeficiente de probabilidad, p , de un acontecimiento E como el límite hacia el que tiende la frecuencia observada, f_n , en una serie limitada de observaciones. Es decir, para todo $\varepsilon > 0$ existe un $N(\varepsilon)$ tal que para todo $n \geq N(\varepsilon)$ tenemos

$$(1) \quad |f_n - p| < \varepsilon.$$

La única diferencia entre esta definición —que realmente implica un postulado sobre hechos físicos— y la del límite matemático es que, como subra-

¹ H. Poincaré, *The Foundations of Science* (Lancaster, Pa., 1946), p. 304.

² A. Wald, «Die Widerspruchsfreiheit des Kollektivbegriffes», *Colloque consacré à la théorie des probabilités* (Paris, 1938), II, p. 92.

³ Figs. 1 y 2 y nota 42 del Capítulo VI anterior.

yan explícitamente los frequentistas, $N(\epsilon)$ únicamente existe, pero no se puede *identificar*³. El hecho de que, a pesar de esta salvedad, la postura frequentista mutila el concepto de probabilidad puede demostrarse sin gran dificultad⁴, pero la relación oculta que existe entre esta postura y la Proposición A exige cierto trabajo previo adicional.

Consideremos el caso sencillo en el que $p = 1/2$ y representemos las sucesivas frecuencias absolutas de E y \bar{E} en una serie de observaciones por medio de las coordenadas Ox y Oy , respectivamente (véase la Figura 5). El historial de tal serie está representado por una línea escalonada como la OH . Todos los posibles resultados al final de n observaciones son puntos sobre la línea $x + y = n$. Supongamos que $0 < \epsilon < 1/2$ está dado y que OX y OY corresponden a las ecuaciones $y = (1 - 2\epsilon)x/(1 + 2\epsilon)$ e $y = (1 + 2\epsilon)x/(1 - 2\epsilon)$, respectivamente. Supongamos que AB corresponde a $x + y = N(\epsilon)$. La condición (1) puede interpretarse ahora de la siguiente manera: por encima de AB , ninguna línea de historial puede salir fuera del campo $XSTY$; lo que sucede es que nosotros no podemos conocer *ex ante* su forma exacta. Habría que subrayar que *ex ante* no podemos excluir ni la posibilidad de que la línea de historial salga fuera de OST antes de alcanzar AB ni de que pase a través de algún punto arbitrariamente elegido dentro de $XSTY$.

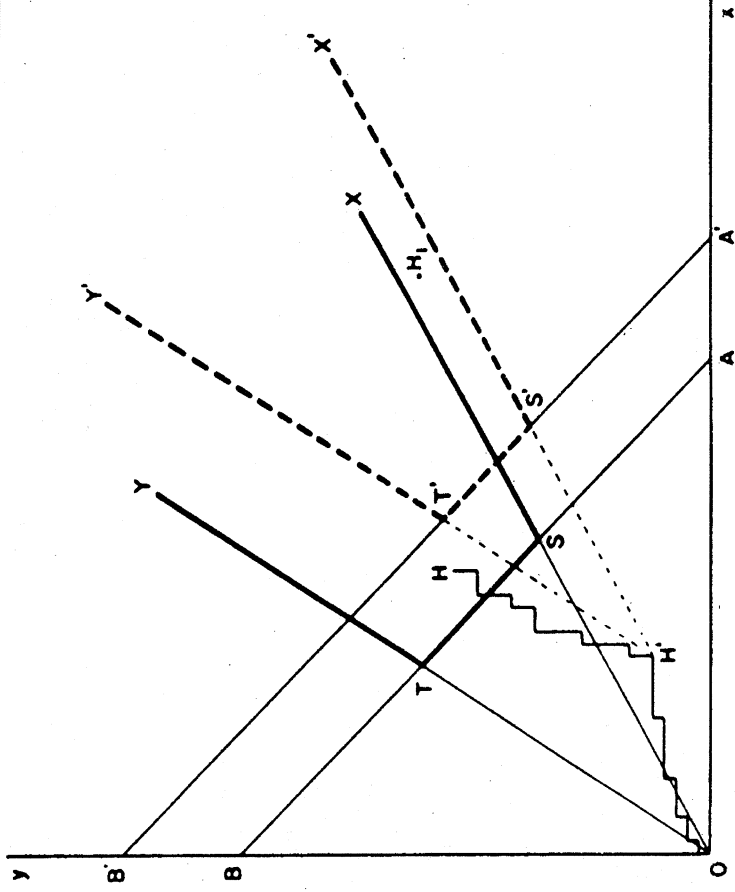
Supongamos que se da el caso en el que $H'(x, y)$ está fuera de OST y hagamos $x' + y' = n'$. Ignoremos las primeras n' observaciones y apliquemos la argumentación anterior al resto de la serie. Así, hagamos que $H'X'$ y $H'T'$ sean paralelas a OX y OY , respectivamente, y sea $A'B'$ igual a $x + y = N'(\epsilon) + n'$, donde $N'(\epsilon)$ se aplica a la serie truncada y no precisa ser igual a $N(\epsilon)$. Podemos decir entonces que a partir de H' la línea de historial debe permanecer dentro del campo $X'S'T'Y'$ y que no está excluido ningún punto específico dentro de ese campo. En otras palabras, la línea de historial debe pasar a través de H_1 . Ahora bien, esto contradice la primera «predicción», y tampoco debiéramos dejar de subrayar que la contrarrestación de esta contradicción recuerda exclusivamente que $N(\epsilon)$ y $N'(\epsilon)$ existen, no que puedan identificarse.

Podría simplificarse la contradicción si introdujésemos un principio extraño adicional. Un individuo que llegase de mirón, por así decirlo,

³ Sobre este punto, véase Wald, *ibid.*, p. 92, y, especialmente, Ernest Nagel, «Principles of the Theory of Probability», *International Encyclopedia of Unified Science* (Chicago, 1955), Vol. I, parte 2, pp. 363 y 369. En *The Theory of Probability* (Berkeley, 1949), Hans Reichenbach considera que puede evitarse el punto muerto exigiendo exclusivamente que la secuencia f_n sea *semiconvergente*, con lo que quiere decir que sólo la secuencia finita de f_n accesible a la observación humana debe «converger razonablemente». Llega incluso a añadir que, si el resto infinito no converge, «tal divergencia no nos perturbará». Esa propuesta o bien ignora la dificultad de definir la convergencia para una serie finita o transforma clandestinamente un dialéctico «razonablemente» en una filosofía manifestamente positivista.

⁴ Véase la Sección II de mi artículo «The Nature of Expectation and Uncertainty» (1958), reimpresso en *AE*.

Figura 5



mientras otra persona está ya ocupada en observar un fenómeno no debería realizar predicción estocástica alguna, pues su predicción podría contradecir la del otro. Puede verse lo extraño de esta propuesta si se observa que todo ser humano es un mirón con respecto a un supuesto observador permanentemente de la Naturaleza. El resultado final es que únicamente tal observador puede hacer predicciones estocásticas válidas, y sólo si el origen O de nuestro diagrama representa el origen del Universo! Por consiguiente, únicamente en relación a este origen podemos decir si un observador ha esperado «tiempo suficiente». Dejar que el origen de una serie de observaciones se deslice arbitrariamente a lo largo de la escala del tiempo cósmico conduce a la contradicción desentrañada aquí.

2. Entre las diferentes paradojas ideadas por Émile Borel en relación con la probabilidad, la más divertida es la de los monos mecanógrafos que por casualidad pueden escribir a máquina, pongamos por caso, las obras completas de Shakespeare. La moraleja de la paradoja es que, aun cuando las operaciones teóricas puedan atribuir a un acontecimiento una probabilidad *positiva*, el acontecimiento no precisa ser observado en la realidad. Y, como ya hemos visto, una forma equivalente de esta paradoja acosa a la in-

terpretación probabilística de la termodinámica: aunque una inversión de la entropía tiene una probabilidad positiva, nunca ha sido observada. La intención de la Proposición A es precisamente la de eliminar paradojas de este tipo. Curiosamente, la proposición se invoca exclusivamente en relación con acontecimientos de probabilidad sumamente baja. En los restantes casos, la doctrina aceptada es que, si el acontecimiento no ha ocurrido, haríamos mejor en revisar las probabilidades *a priori* usadas en nuestros cálculos en lugar de esperar más tiempo.

Sostengo que la Proposición A es falaz porque confunde una verdadera proposición con su opuesto, ligeramente modificado por medio de una prestidigitación verbal. La verdadera proposición es que la probabilidad de que un acontecimiento aleatorio ocurra en una serie de observaciones futuras tiende monotónicamente a la unidad según aumenta indefinidamente el número de observaciones⁵. Traducido a términos comunes, dice que «*si se está preparado para esperar durante un tiempo suficientemente largo el acontecimiento sucederá tarde o temprano*». Esta proposición se transforma después en «el acontecimiento ocurrirá sólo si se espera durante un tiempo suficientemente largo».

Hay que observar, en primer lugar, que durante este proceso «un número suficientemente grande de observaciones» se ha traducido por «un tiempo suficientemente largo». Podemos admitir —creo que con algunas reservas— que la primera expresión tiene un significado objetivo. Pero, ¿cuál podría ser el significado de la segunda expresión? Un intervalo de tiempo es una entidad con dimensiones, no un puro número. Y, al igual que todas las entidades con dimensiones, su medida puede ser fantásticamente pequeña o fantásticamente grande, según sea la unidad elegida. Ahora bien, aplacemos por un tiempo la discusión de esta cuestión y pasemos a la segunda observación. Incluso sin la discutida versión, no hay nada en la teoría de la probabilidad que confirme la proposición transformada. Por el contrario, la doctrina admitida enseña que es indudablemente falsa. De acuerdo con esta doctrina, una baza completa de picas, a pesar de ser un «rato acontecimiento», puede ser lo primero que se obtenga en una partida de bridge, porque, incluso si la baza no ha salido en absoluto durante un millón de manos, su probabilidad no es mayor en la mano un millón más uno que en cualquier otra; ni es menor en el caso en que la baza haya ocurrido en la mano inmediatamente precedente. Se observa así que, profundamente oculto en la respuesta aparentemente inocente «no ha esperado lo suficiente», se encuentra el dogma herético de Hyacinthe Azais y Karl Marbe de un riesgo inherentemente compensatorio⁶. Una

⁵ Véase el Capítulo II, Sección 7, anterior.

⁶ A este respecto, véase *AE*, p. 250. Como he descubierto posteriormente, Azais y Marbe tuvieron un predecesor en J. L. d'Alembert. Véase su *Mélanges de littérature, d'histoire et de philosophie* (5 vols.,

forma sencilla de exponer esta herejía consiste en llamar la atención sobre el hecho de que si, tras una larga serie de «cruces» en el lanzamiento de una moneda perfecta, un millón de personas lanzase cada una una moneda perfecta, aproximadamente la mitad de ellas seguiría obteniendo «cruces», como dice la teoría ortodoxa. Y si alguien replicase ahora que el dogma Marbe-Azais se aplica únicamente a los lanzamientos de la *misma* moneda —lo que es una interpretación gratuita— habría que recordarle el famoso aforismo de Joseph Bertrand, «la moneda no tiene conciencia ni memoria»⁷.

Otra cuestión que debe aclararse es que la paradoja de Borel se refiere a un hecho físico, no a estados de la mente respecto de una creencia subjetiva, ni al movimiento racional en un juego que implique riesgo. Es decir, la observación de que la probabilidad de la inversión de entropía incluso en una gota de agua es tan pequeña que «nos podemos olvidar de ella» puede aplicarse a la decisión racional de si se bebe agua, pero es ajena a la paradoja. Sin embargo, encontramos hasta un premio Nobel de física molecular que afirma que «*en la escala de las magnitudes que tienen interés práctico para nosotros, el movimiento perpetuo del segundo tipo es en general tan insignificante que sería insensato tomarlo en consideración*»⁸. Igualmente familiar es la afirmación de que «podemos apostar [que no ocurrirá una inversión de entropía] durante mil millones de generaciones futuras»⁹. Semejantes afirmaciones no pueden eliminar la paradoja más de lo que el famoso cálculo de Blaise Pascal sobre la ventaja especulativa que significa creer en Dios demuestra la existencia real de Dios.

Únicamente una argumentación que considere la probabilidad como coordenada física guarda relación con el problema. El inconveniente es que en este caso una probabilidad positiva, a pesar de ser pequeña, significa por definición que el acontecimiento correspondiente debe ocurrir *a veces*, sólo que no sabemos *cuándo*¹⁰. Ninguna creencia y ninguna apuesta pueden cambiar esta verdad.

3. A fin de poner un ejemplo aclaratorio de la argumentación basada en la probabilidad física, citemos a una autoridad como Bridgman: «Esas probabilidades [de inversiones de entropía] son tan fantásticamente peque-

Amsterdam, 1767), V, p. 283. D'Alembert afirma que la suposición de que «caras» pueden no aparecer nunca «es posible dentro del rigor matemático. Sólo físicamente es falsa la proposición». Y, al igual que Azais y Marbe, aconseja que, tras una larga serie de «caras», deberíamos apostar a «cruces», «como lo hacen muchos jugadores» (p. 289). La traducción es mía.

⁷ Joseph Bertrand, *Calcul des probabilités* (París, 1889), p. xxii. La traducción es mía.

⁸ Jean Perrin, *Atoms* (Londres, 1920), p. 87; véase también K. Mendelssohn, «Probability Enters Physics», en *Turning Points in Physics*, ed. R. J. Blin-Stoyle (Amsterdam, 1959), p. 51.

⁹ Philipp Frank, «Foundations of Physics», *International Encyclopedia of Unified Science* (Chicago, 1955), II, p. 451.

¹⁰ La argumentación es aplicable incluso a acontecimientos cuasi-imposibles, pero esta categoría no tiene trascendencia especial para la presente argumentación.

ñas que incluso a lo largo de toda la historia de la especie humana son muy pequeñas las "posibilidades" de que haya sucedido tal cosa, y evidentemente son todavía más pequeñas las de que cualquier individuo observe tal cosa a lo largo de su propia vida¹¹. Una enunciación más rigurosa de la misma idea, iniciada en Boltzmann, se ha perpetuado de obra en obra: «Utilizando la adecuada ley de probabilidades, un simple cálculo [demuestra] que una combinación casual de movimientos que retrotraiga todo el hidrógeno [mezclado] y el oxígeno a sus [posiciones] originales... *no ocurriría* durante 10^{10} años»¹².

Se ha visto así que se ignora por completo la dimensión temporal a pesar de su papel crucial en problemas de este tipo. Porque, supongamos, por ejemplo, que la probabilidad de cierto acontecimiento E en una estructura estocástica de resultados es 10^{-4} . Por muy pequeña que sea esta probabilidad, hay una probabilidad muy alta, $1 - 10^{-10}$, de que E ocurra al menos una vez en $2,3 \times 10^5$ resultados. Ahora bien, si un resultado ocurre cada segundo, no precisamos esperar más que tres días para estar completamente seguros de observar E ; en este caso, difícilmente podemos decir que E es un acontecimiento raro en el tiempo. Pero, si la velocidad de los resultados es de uno por siglo, el mismo E sería un acontecimiento extraordinario incluso en la vida de nuestro planeta.

En general, sea Δ el intervalo de tiempo durante el cual un mecanismo determinado produce un resultado, y sólo uno. Si la escala temporal se encuentra ahora adecuadamente dividida en intervalos de tamaño Δ , durante cada uno de tales intervalos un acontecimiento específico E puede ocurrir solamente una vez o no ocurrir en absoluto. Supongamos, como lo requieren las circunstancias, que el mecanismo es atemporal (esto es, permanece siempre idéntico a sí mismo). Sea p la probabilidad de que E ocurra durante Δ y sea $t = n\Delta$ un intervalo durante el cual estamos parados para observar los resultados. La probabilidad de que E ocurra durante t es $P(t) = 1 - (1 - p)^n = 1 - (1 - p)^{t/\Delta}$. Lo anterior pone evidentemente de manifiesto que la argumentación de Bridgman —que $P(t)$ es pequeña debido a que p es fantásticamente pequeña— no se mantiene si Δ es tan pequeño de modo que t/Δ sea fantásticamente grande. Para poder

decir algo sobre la magnitud de $P(t)$ debemos conocer la velocidad $1/\Delta$ a la que el mecanismo en cuestión produce resultados. Únicamente con respecto a Δ , tomado como unidad, es como podemos decir si t es grande o pequeño.

Por otra parte, las leyes de la termodinámica no nos dicen nada acerca de la velocidad en la que los macroestados están cambiando con respecto al tiempo de reloj. Por consiguiente, no hay base alguna para hablar de un flujo de entropía en sentido estricto¹³. Este es el motivo por el cual la termodinámica no puede predecir del mismo modo en que lo hace la mecánica¹⁴. Así pues, la argumentación de Bridgman está en el aire. En realidad, lo seguiría estando incluso aunque concediésemos que $P(t)$ es pequeña.

4. A fin de explicar por qué no se ha observado hasta ahora ninguna inversión de entropía, algunos autores han introducido una proposición adicional de carácter atemporal. Concretamente, Borel es conocido por afirmar que el axioma «los acontecimientos cuya probabilidad es sumamente pequeña no ocurren nunca [son objetivamente imposibles]» debe formar parte de los fundamentos de la probabilidad física. A modo de ejemplo, Borel, al igual que muchos otros a los que ya he citado, afirmó que si la probabilidad de un acontecimiento es del orden de 10^{-200} el acontecimiento «nunca ha sido observado y nunca lo será por cualquier ser humano en todo el universo»¹⁵. En esta forma estricta, la proposición socava el supuesto habitualmente aceptado de que la vida en la Tierra tuvo lugar por el mero juego de combinaciones aleatorias¹⁶.

Debiera ser evidente una dificultad especialmente perjudicial implícita en el axioma de Borel. ¿Se mantendría el axioma para 10^{-199} , para 10^{-198} , y así sucesivamente? ¿Dónde habría que pararse? Ahora bien, a fin de seguir la argumentación, admitamos que la categoría de «probabilidades sumamente pequeñas» tiene un último límite superior π . En otras palabras, supongamos que, al fin y al cabo, puede existir también un quantum elemental para la probabilidad¹⁷. Desde el punto de vista de la actual teoría de la probabilidad, aparecen varios obstáculos de importancia en el camino de este supuesto. En primer lugar, es difícil suponer siquiera cómo podrían modificarse las fórmulas fundamentales del cálculo de probabilidad

¹¹ P. W. Bridgman, *The Nature of Thermodynamics* (Cambridge, Mass., 1941), pp. 162 y s. Véase también Mendelsohn, «Probability Enters Physics», p. 53. Sin embargo, en otro lugar Bridgman afirma que «consideraciones estadísticas puramente lógicas nunca pueden justificar que predigamos acontecimientos tan raros que no han sido observados nunca hasta ahora» (*Reflections of a Physicist*, 2.ª edic., Nueva York, 1955, p. 261), postura con la que estoy totalmente de acuerdo.

¹² David Bohm, *Causality and Chance in Modern Physics* (Londres, 1957), p. 161 (las cursivas son mías); véase también Perrin, *Atoms*, p. 87n. La cifra «mágica» 10^{10} se remonta a la obra *Lectures on Gas Theory* de L. Boltzmann, de 1898 (Berkeley, 1964), p. 444. El método sobre el que basó su cálculo se indicó en el trabajo citado en la nota 32 del Capítulo VI anterior y fue elaborado por D. ter Haar, *Elements of Statistical Mechanics* (Nueva York, 1954), p. 342. En lo que se refiere a mi crítica de ese método, véase el Capítulo VI, Sección 2.

¹³ Bridgman, *Nature of Thermodynamics*, pp. 140 y s.

¹⁴ Véase la nota 65 del Capítulo V anterior.

¹⁵ Émile Borel, *Elements of the Theory of Probability* (ed. rev., Englewood Cliffs, N. J., 1965), pp. 57 y ss. Boltzmann, en *Gas Theory*, p. 444, expresa la misma idea en forma dialéctica: una probabilidad sumamente pequeña es «prácticamente equivalente a *nunca*». Pero la idea puede remontarse nada menos que a d'Alembert (véase nota 6 anterior).

¹⁶ P. Lecomte du Nouÿ, *The Road to Reason* (Nueva York, 1948), pp. 122-126.

¹⁷ Como lo sugirió R. B. Lindsay y H. Margenau, *Foundations of Physics* (Nueva York, 1936), p. 167.

des de acuerdo con la nueva ley. En segundo lugar, y lo que es más importante, la existencia de un quantum de probabilidad nos obligaría a admitir sobre la base de esas fórmulas que para todo acontecimiento de probabilidad $p > \pi$ no puede haber una secuencia mayor que r , estando r determinada por las desigualdades $p^r \geq \pi > p^{r+1}$. No sólo habría que sacar del armario los esqueletos de d'Alembert, Azais y Marbe, sino que además resucitarían a una vida maravillosa.

APÉNDICE G

LIMITACIONES Y EXTRAPOLACIONES EN BIOLOGÍA

1. Un principio fundamental de la doctrina del Cambio desarrollada en este volumen es la diferencia esencial en la forma en que la realidad se aparece a la mente inquisitiva, según que tal mente trasladada de forma progresiva su atención desde el campo inorgánico al orgánico. En dos ocasiones, la discusión de algunos problemas económicos hizo necesario que insistiese con más detalle en la diferencia existente entre el campo biológico y el fisicoquímico. Adopté entonces la postura de que la biología no puede alcanzar, en general, resultados de la misma importancia práctica que las ciencias de la materia inerte y de que no puede lograr, en concreto, las extravagantes proezas que unos pocos biólogos superentusiastas afirman que hay ahora en perspectiva¹. Para justificar esta postura, a un lego como a mí seguramente le bastaría presentar pruebas que la mayor parte de las autoridades en la materia compartan de uno u otro modo²; este es el privilegio especial del lego. Frente a ello, éste soporta una tremenda desventaja: el prejuicio general de que malinterpreta o exagera. Creo que una afirmación muy reciente de Erwin Chargaff debería venir en auxilio de mi postura y evitar un juicio precipitado. Chargaff, cuyos laboriosos análisis de varios ácidos nucleicos proporcionaron el necesario entramado para los recientes avances en el conocimiento del núcleo y que debiera estar así especialmente cualificado para valorar la situación, pensó evidentemente que la situación exige una formulación potente: «Los necios pronósticos de felicidad instantánea gracias a la eugenesia por catálogo (en todo hogar, un Einstein, posiblemente embellecido con la nariz de Cleopatra) pueden incluirse entre los síntomas de la aparición de la barbarie, como lo pone de manifiesto la creciente brutalización de la Humanidad»³.

¹ Véase el Capítulo X, Sección 3, y el Capítulo XI, Sección 5.

² Véase el Capítulo XI, Sección 5, especialmente la nota 121.

³ Erwin Chargaff, «What Really Is DNA? Remarks on the Changing Aspects of a Scientific Concept», *Progress in Nucleic Acid Research and Molecular Biology*, VIII (1968), p. 329.

En cualquier caso, creo que debo al lector interesado una breve y explícita exposición de mi propia postura, que considera que los obstáculos que limitan nuestra capacidad (y en cierto sentido nuestra comprensión) en el campo biológico son inherentes a las mismas condiciones que rigen la existencia del hombre y, que consecuentemente, son tan duraderos como esas condiciones.

2. Tras una serie de vacilaciones que se han prolongado a lo largo de cien años, prácticamente todos los bioquímicos están ahora de acuerdo en que cada uno de los componentes de una célula viva posee una estructura molecular definitiva, al menos cuando existe en un estado (generalmente, el estado cristalino) que puede examinarse *in vitro* a través de procedimientos fisicoquímicos. Sin embargo, los componentes más importantes y más numerosos de una célula viva difieren de las moléculas ordinarias en varios aspectos cruciales.

En primer lugar, está la inmensidad de las dimensiones de esas biomoléculas. Tal como se las representa actualmente en muchos manuales, la mayor parte de las biomoléculas son macromoléculas, esto es, complejas unidades gigantes de núcleos atómicos «rodeadas de nubes electrónicas de formas fantásticas y cambiantes»⁴. El complejo de ADN del cromosoma rudimentario de un pequeño virus como el bacteriófago T4 tiene en total unos 200.000 pares de nucleótidos (aproximadamente $1,3 \times 10^8$ daltons [unidad atómica de masa]) divididos entre unos 100 genes. El complejo cromosómico de algunos animales acuáticos contiene entre 10^{11} y 10^{12} pares de nucleótidos; el del hombre, al igual que el de todo mamífero, tiene aproximadamente 5×10^9 de tales pares⁵. Pero incluso una biomolécula tomada en sí misma puede tener un peso molecular tan grande como 10^8 (según algunos, incluso 10^{11}). Esto significa que una biomolécula puede tener tantos átomos como habitantes en un país de mediano tamaño o estrellas en una galaxia de tipo medio. La diferencia reside en que la estructura de una molécula es tan ordenada y delicada que un mero cambio de unos pocos átomos puede alterar drásticamente la función cualitativa de la biomolécula⁶.

⁴ Albert Szent-Györgyi, «The Promise of Medical Science», en *Man and His Future*, ed. G. Wolstenholme (Boston, 1963), p. 192; James D. Watson, *Molecular Biology of the Gene* (Nueva York, 1965), pp. 111-115.

⁵ En lo que se refiere a la estructura de la célula y de las macromoléculas, véase Watson, *Molecular Biology*, pp. 2-10, 69, 80-93 y *passim*. Para una descripción técnica del complejo de ADN, véase Watson, pp. 261-296, y especialmente Chargaff (antes citado). Presentaciones más breves y simplificadas se encuentran en C. H. Waddington, *The Nature of Life* (Nueva York, 1962), pp. 36-52; S. E. Luria, «Directed Genetic Change: Perspectives from Molecular Genetics», en *The Control of Human Heredity and Evolution*, ed. T. M. Sonneborn (Nueva York, 1965), pp. 4-9; C. D. Darlington, *Genetics and Man* (Nueva York, 1969), pp. 119-123.

⁶ En el Capítulo X (véase la nota 50) se mencionó ya el descubrimiento de V. M. Ingram consistente en que únicamente un aminoácido diferencia la célula hemoglobínica normal de la drepanocítica. Por otra parte, en el caso de una proteína muy grande puede que no aparezca una diferencia palpable hasta que no haya cambiado un número sustancial de tales ácidos.

La segunda diferencia consiste en que las macromoléculas son polímeros, es decir, están compuestas de bloques estándar —veinte aminoácidos en el caso de las proteínas y cinco bases orgánicas en el de los ácidos nucleicos—. Ahora bien, si existen compuestos en los que, pongamos por caso, el sodio y el cloro entran en diversas proporciones, a partir de un análisis que muestre exclusivamente que el número de átomos de sodio y cloro son iguales no puede deducirse que la «sustancia» analizada sea sal común. El problema es que la expresión «sustancia pura» pierde su significado operativo con respecto a sustancias que pueden existir en numerosas formas poliméricas e isoméricas. En muchas partes de este campo no hay más que sombras. En efecto, un químico que trabaje con una sustancia compuesta por moléculas gigantes nunca puede verla en el sentido en que se puede mirar la sal o la aspirina. Debido a todo ello, algunas autoridades bioquímicas dudan de que podamos hablar de una molécula de ADN, por ejemplo, en el sentido clásico de esta expresión⁷.

La tercera diferencia reside en que, a pesar de que las biomoléculas son gigantes, las cadenas de que están compuestas se mantienen ordinariamente juntas por medio de lazos químicos débiles, laxos, por así decirlo. El resultado es que no se precisa mucha energía para romper tal frágil biomolécula en otras más pequeñas, como sucede, por ejemplo, con la doble hélice del ADN que se separa en sus dos ramales sólo con calentarla ligeramente. Este hecho nos ayuda a entender en parte cómo dentro de una célula viva los débiles lazos existentes se rompen y rehacen casi continuamente a la temperatura fisiológica ordinaria, incluso aunque el fenómeno de rehacerse siga estando rodeado del mayor misterio⁸.

La cuarta diferencia se hace evidente tan pronto preguntamos no sólo «qué son esas sustancias, sino qué hacen?»⁹. Esta cuestión nos lleva definitivamente más allá de la química hasta la mecánica cuántica. Muy probablemente, lo que hace latir a una célula es una corriente específica de electrones simples «que caen en cascada y entregan poco a poco su energía». Así, el estado vivo no se compone de moléculas normales cerradas sino de complejos de transmisión de carga que forman una «acumulación de iones frente a un gradiente, concentraciones que se igualan en la muerte»¹⁰. Esta idea, que aparentemente está obteniendo una aceptación creciente, no va a aclarar el misterio de la vida; pero, junto a la estructura de lazos débiles, presta cierto apoyo teórico al hecho generalmente aceptado de que muchas

⁷ N. W. Pirie, «Patterns of Assumption about Large Molecules», *Archives of Biochemistry and Biophysics*, Suplem. I, 1962, pp. 21-29, y Chargaff, «What Really Is DNA?», pp. 320-323 y 327.

⁸ Watson, pp. 60 y s., 102-139 y 285; Chargaff, «What Really Is DNA?», p. 323.

⁹ Albert Szent-Györgyi, *Introduction to a Submolecular Biology* (Nueva York, 1960), p. 10.

¹⁰ *Ibid.*, pp. 25, 64 y 132-134. Véase especialmente la esclarecedora explicación de la fotosíntesis que hace Szent-Györgyi, *ibid.*, cap. iii. En lo que respecta a la concentración de gradientes y a las correspondientes transformaciones entrópicas, véase también Watson, pp. 80-83, 102-109, 138 y 160.

reacciones se producen de forma permanente dentro de una célula viva de forma no reproducible in vitro¹¹. Los ejemplos familiares son la transformación de glucosa en trabajo, con un desperdicio de calor sumamente pequeño, y la fijación de nitrógeno por las leguminosas a la temperatura normal del suelo. Todavía más importante es el hecho de que muchas proteínas sintetizadas fuera de un sistema celular no tienen actividad biológica y de que muchas de las que tienen tal actividad no pueden sintetizarse. Debido a la imposibilidad de formación de anticuerpos fuera de un cuerpo vivo, es por lo que la lucha contra el cáncer y el rechazo en los trasplantes son tan frustrantes¹².

3. No necesitamos seguir buscando para comprender por qué James D. Watson, autoridad consagrada en el campo de la biología molecular, tuvo que convencerse y admitir que hay una química *especial* en la materia viva: «la síntesis de una proteína no se lleva a cabo de acuerdo con las reglas que rigen la síntesis de las pequeñas moléculas»¹³.

Evidentemente, no podemos pensar en sintetizar ninguna sustancia sin tener previamente un modelo de su estructura. Y en el caso de una macromolécula hasta esa tarea *analítica* es formidable. Descifrar la estructura *lineal* de la insulina —una proteína *no específica* y bastante pequeña compuesta únicamente de cincuenta y un aminoácidos— fue una encomiable proeza de un Premio Nobel (F. Sanger, en 1958). A la vista del tamaño de esas moléculas, incluso con el equipo recientemente desarrollado se precisan varios años de duro trabajo antes de que se pueda resolver la estructura lineal de una proteína de pequeño tamaño¹⁴. Además, no solamente son las biomoléculas complejos gigantes, sino que también el número de posibles moléculas de cualquier tipo dado pasma la imaginación. Tomemos el caso de una proteína de tamaño moderado, digamos, de 20.000 daltons o unos 170 aminoácidos. Puesto que únicamente existen veinte aminoácidos diferentes, el número de todas las posibles proteínas de ese tamaño es 20¹⁷⁰. ¡El lado del cubo que podría contener a una molécula de cada tipo tiene una longitud de 10³⁰ años luz! Si creemos en la Gran Explosión como origen del universo, no ha habido tiempo suficiente para que existan todas esas moléculas, ni se las observará en absoluto durante el resto de la vida de la especie humana¹⁵. Tales dimensiones pueden calificarse apropiadamente de supercósmicas.

No puede dejar de decirse que esta fantástica variedad actúa contra toda cristalización importante de los conocimientos adquiridos en un proce-

dimiento general. La mayor parte de las veces, cada avance realizado con éxito opera sólo en determinadas condiciones específicas. Así, en la actualidad nada nos incita a pensar que finalmente pueda obtenerse el modelo —sin mencionar a la propia síntesis— a través de un procedimiento general para toda macromolécula. En realidad, no existe una receta general ni siquiera para la síntesis de pequeñas moléculas *inorgánicas*. Los biólogos moleculares que no son propensos a una inmoderada valoración de la realidad no pasan por alto el hecho de que incluso una célula bacteriana contiene entre 3.000 y 6.000 biomoléculas diferentes, aproximadamente la mitad de las cuales son moléculas proteínicas gigantes. Su conclusión es que «no conoceremos en el futuro próximo (o, *imaginablemente, ni siquiera en el lejano*) las estructuras exactas en 3-D de todas las moléculas, ni de las células más pequeñas»¹⁶. Evidentemente, no esperan poder conocer la estructura completa de una célula en todos sus detalles, y mucho menos poder construir una célula a partir de sus partes elementales: átomos y electrones. Se contentan con la esperanza de comprender cada vez más lo que sucede dentro de la célula, lo que por sí mismo constituye una magnífica perspectiva.

La cuestión se refiere obviamente al poder de manipulación del hombre en el terreno microcósmico; y, como he afirmado en el Capítulo X, Sección 3, es el Principio de Indeterminación el que niega al hombre tal poder: la única forma en la que el hombre puede tratar la materia es en grandes cantidades. Para sintetizar una sustancia, de moléculas pequeñas o grandes, tenemos que recurrir a reacciones químicas en las que los átomos se liberan de sus vínculos iniciales y se reorganizan en nuevas formaciones a través de diversas fuerzas submoleculares. Pero, incluso en estructuras muy simples sin lazos débiles, está lejos de ser sencillo el problema de terminar en cada nuevo caso qué componentes químicos han de utilizarse en la reacción y qué energía libre puede desencadenarse. Cuando se trata de sintetizar un compuesto macromolecular, los obstáculos son formidables, y es fácil ver por qué: simplemente, no existe un modo seguro de obligar a millones de átomos a ocupar sus posiciones exactas en la correspondiente estructura en 3-D. Además, los numerosos lazos débiles complican adicionalmente las cosas: es probable que la estructura química se rompa en pedazos antes de que esté completamente erigida.

Es cierto que se puede acometer la síntesis de un polímero de estructura conocida construyéndolo bloque a bloque en fases sucesivas. La hazaña de Vincent du Vigneaud, al sintetizar en 1953 la primera proteína, se duplicará con toda seguridad en el caso de otras biomoléculas (como ya se ha

¹⁶ Watson, p. 100. Véase también Chargaff, «What Really Is DNA?», p. 329. Debemos observar de nuevo que Max Perutz y J. C. Kendrew compartieron el Premio Nobel en 1962 por haber descubierto la estructura en 3-D de la hemoglobina y la mioglobina.

¹¹ Albert Szent-Györgyi, *Nature of Life: A Study on Muscle* (Nueva York, 1948), pp. 17, 69 y s., y 76 y s.

¹² Watson, pp. 396, 437 y 441.

¹³ Watson, p. 160, lo que habría que comparar con las afirmaciones anteriores de Watson, p. 68.

¹⁴ *Ibid.*, p. 170.

¹⁵ Harold C. Urey, «The Origin of Organic Molecules», en *The Nature of Biological Diversity*, ed. John M. Allen (Nueva York, 1963), p. 2.

llevado realmente a cabo); pero, dejando de lado el hecho de que esta expansión no ocurrirá de forma automática —cada síntesis tiene sus dificultades específicas—, hay que subrayar que la oxitocina sintetizada por Vignaud se compone exclusivamente de ocho bloques. Es posible que este número marque el límite inferior de la sencillez proteínica; pero es igualmente cierto que debe haber un umbral superior para el número de bloques que pueden reunirse a través de una reacción química ordinaria.

Podemos comprender ahora por qué reunir la más simple célula le llevó a la Naturaleza en nuestro planeta, y le lleva a la Naturaleza en todas partes, miles de millones de años. Sin embargo, en la actualidad muchos bioquímicos creen que el hombre está a punto de lograr la misma hazaña en mucho menos tiempo y de modo mucho más espectacular: mezclando varios ingredientes inertes en un tubo de ensayo y exclamando «Fiat», en la forma en que comenzó el Génesis según las Escrituras. Casi ninguna visión panorámica glorificadora de los poderes de la biología deja de mencionar el experimento de S. L. Miller, quien obtuvo una mezcla de varios componentes típicamente orgánicos (incluyendo algunos aminoácidos) sometiendo una mezcla de compuestos simples a una elevada descarga eléctrica¹⁷. Ahora bien, dadas las complicaciones indicadas con respecto a la síntesis sistemática de macromoléculas, así como la insondable complejidad de la carga de complejos transmisibles de una célula viva, podemos estar seguros de que el hombre no puede convertirse en un dador de vida. Piénsese solamente en el hecho de que, a pesar de todo el estruendo periodístico, seguimos sin saber cómo muchas proteínas —sin hablar de sus diferentes clases— se encuentran en la más pequeña célula. Y, como ya se ha dicho antes, ese número no puede contarse con los dedos. Incluso algunos de los biólogos que no pueden resistirse a proclamar que los grandes avances recientes «pronto nos permitirán comprender todos los rasgos básicos de la *materia viva*» acaban admitiendo que «la estructura de una célula nunca se comprenderá de la misma manera que la de las moléculas de agua o de glucosa»¹⁸.

4. Es indudable que lo que el hombre puede hacer no ha estado precedido siempre por lo que comprende. Tirar una piedra, encender un fuego o fundir un mineral no son los únicos ejemplos. Seguimos sin tener la menor idea acerca de cómo producen sus efectos muchas drogas (sin excluir

¹⁷ S. L. Miller, «Production of Some Organic Compounds Under Possible Primitive Earth Conditions», *Journal of the American Chemical Society*, LXXVII (1955), pp. 2.351-2.361; S. L. Miller y H. C. Urey, «Organic Compound Synthesis on the Primitive Earth», *Science*, 31 de julio de 1959, pp. 245-251.

¹⁸ Watson, pp. 69 y 85. El lector puede encontrar altamente instructivo revisar la larga lista de misterios biológicos de Watson, empezando por «la función primaria de los histones» y terminando por lo que hace que una célula normal «deje de crecer y de dividirse en el momento oportuno». *Ibid.*, pp. 185, 442 y *passim*.

las producidas por el propio organismo). Los biólogos están tan acostumbrados a esta situación que incluso aquellos que aclaman los recientes logros teóricos recurren a la posibilidad de descubrimientos empíricos hechos medio a ciegas al defender un punto de vista excesivamente entusiasta de lo que le espera a la biología¹⁹. ¿De qué clase de éxitos empíricos se nutren tales opiniones?

Dado que no podemos construir una célula viva del mismo modo en que construimos un edificio (por ejemplo), tendríamos que aceptar la idea de tomar células ya construidas e intentar «remodelarlas» de acuerdo con nuestro deseo. El método, que es un sustituto bastante aproximado de una reacción química, equivale a lanzar nubes de bolas de billar contra triplones de configuraciones de bolas semejantes, con la esperanza de obtener unos cuantos esquemas deseados gracias a los impactos destructores subsiguientes. La analogía es aplicable no sólo al uso de cualquier radiación o de agentes que mutan los genes, sino también a las más recientes técnicas de algenia, otra de las expresiones acuñadas por Leberberg, abreviatura de *alquimia genética*²⁰. Estas nuevas técnicas constan de transformación, transducción y conjugación²¹. Mi metáfora aclara perfectamente por qué la probabilidad de un impacto adecuado —incluso si, como sucede en la transducción, un virus es portador de algunas bolas— es sumamente reducida, mientras que la de una mutación letal o indeseable es muy elevada. Con una eficiencia tan baja, la algenia tiene sólo un limitado campo de aplicación²². Y, a la vista de las dificultades inherentes a la esencia de las macromoléculas, no parece probable que esa eficiencia pueda mejorarse sustancialmente en un futuro próximo o lejano; mucho menos aún podemos confiar en perfeccionar esa eficiencia de modo que una sola célula (no solamente algunas células entre la inmensidad de ellas) pueda remodelarse exactamente de acuerdo con nuestras intenciones. La cuestión es importante, porque sin una técnica semejante la ingeniería biológica difícilmente

¹⁹ Por ejemplo, E. L. Tatum, «Perspectives from Physiological Genetics», p. 28, y especialmente Sonneborn, «Discussion - Part III», p. 126, ambos en *Control of Human Heredity*.

²⁰ Joshua Lederberg, «Experimental Genetics and Human Evolution», *American Naturalist*, C (1966), p. 521.

²¹ La transformación es el proceso en el que se usa una cadena de ADN seleccionada para destruir y sustituir una cadena equivalente de un núcleo celular. En la transducción, se usa un virus como portador de la cadena dentro del núcleo. La conjugación corresponde al proceso análogo al apareamiento de la célula. Véase Morgan Harris, *Cell Culture and Somatic Variation* (Nueva York, 1964), pp. 84-95; Watson, pp. 215-228; Darlington, *Genetics and Man*, pp. 174-176.

²² En relación con mi valoración de las aplicaciones prácticas del conocimiento biológico a la agricultura (Capítulo X, Sección 3), debo añadir que las mutaciones ocasionales deseables en los vegetales se han obtenido por medio de la radiación de genes químicos mutantes. Sin embargo, muchos de los progresos constatados en la agricultura han sido en buena medida resultado de «accidentes» en los cruzamientos, sin exceptuar el caso más famoso, el maíz híbrido. Un resumen interesante es el que lleva a cabo Paul C. Mangelsdorf en «Genetics, Agriculture, and the World Food Problem», *Proceedings of the American Philosophical Society*, CIX (1965), pp. 242-248.

puede tener valor práctico. Además, la cuestión nos lleva a otro serio obstáculo al que no parecen prestar atención alguna los heraldos del milenio genético.

Supongamos que sabemos cómo remodelar una sola célula en un esquema previamente seleccionado. Ahora bien, es obvio que, incluso aunque no queramos más que remodelar una estructura, sea una célula o un edificio, seguimos necesitando un esquema completo de esa estructura. Igualmente, pasamos por alto las dificultades de este requisito, mencionadas hace un rato. Existe una dificultad adicional que probablemente no atraiga la atención de un biólogo molecular. Como consecuencia de que trabajan casi exclusivamente con masas de bacteriófagos y de bacterias, los biólogos moleculares tienden a identificar su propia postura con la de los químicos. En efecto, si un biólogo molecular determina la estructura de una sola bacteria perteneciente a una colonia desarrollada a partir de una bacteria, es prácticamente seguro que cualquier otra célula de la colonia tendrá la misma estructura²³. Ya sabemos que la probabilidad de una mutación es sumamente reducida.

El problema cambia radicalmente en el caso en que deseemos remodelar un huevo de un animal superior, especialmente del hombre. Dejando de lado el caso irrelevante de progenitores genéticamente idénticos y totalmente homocigóticos (excepto el sexo), un huevo fertilizado de cualquier especie reproducida sexualmente es una entidad *única*, en el sentido de que posiblemente no podemos obtener una copia fiel del mismo²⁴. Lo mismo es aplicable a un gameto, esto es, a un óvulo o a un espermatozoide. No puede salvarse el punto muerto: si utilizamos para el análisis la única célula, no queda nada para la remodelación.

5. Los obstáculos insuperables que se oponen a la ingeniería eugénica aparecen casi desde todas las direcciones. Observemos, por ejemplo, que, si queremos modificar la estructura química de una célula o de cualquier compuesto, no lo hacemos sólo por esa estructura sino por sus funciones cualitativas. Por consiguiente, si la ingeniería genética ha de convertirse en una realidad útil, debemos saber no sólo cómo cambia la célula C_1 en la C_2 , sino también qué manifestaciones cualitativas están asociadas a toda estructura celular. En otras palabras, debemos saber la relación completa que existe entre genotipos y fenotipos en cada una de las especies de animales, vegetales o bacterias que deseemos remodelar.

Ahora bien, casi todos los biólogos moleculares aceptan que los caracteres están relacionados con reacciones químicas bien definidas sólo de forma excepcional. Algunos subrayan también que muchos caracteres son «desesperadamente complejos»²⁵, de modo que simplemente describir por completo un fenotipo es una tarea desesperada. Además, la dificultad química (en el que me concentré en el Capítulo V, Sección 1) es aún más onerosa en el caso de un especialista en genética molecular. Debido a que en la mayoría de los casos para conocer sus cualidades primero hay que observar una estructura química, el especialista en genética molecular debe observar y describir el fenotipo de todo posible genotipo. Una y otra vez, la simple aritmética pone de manifiesto la imposibilidad de este requisito previo.

Debemos recordar ante todo unas cuantas propiedades del ADN. Como sabemos desde el descubrimiento de Crick-Watson, cada nucleótido puede estar constituido por una de las cuatro bases orgánicas —adenina (A), citosina (C), guanina (G) y timina (T)— de forma que A esté siempre emparejada con T y C esté siempre emparejada con G²⁶. Junto a ello, de acuerdo con un descubrimiento más antiguo y sumamente importante de Chargaff, la proporción de los pares (A, T) —y, por fuerza, de los pares (C, G)— en el complejo de ADN de todo individuo de una especie determinada es la misma²⁷. Por último, hemos de tener en cuenta el hecho de que todo intercambio de un par produce un ADN diferente, porque los dos ramales de la doble hélice no son intercambiables²⁸.

Designemos con N el número total de los pares nucleotídicos en el complejo de ADN de una especie determinada y con $f_1, f_2, f_1 + f_2 = 1$, las proporciones específicas de los pares (A, T), (C, G). El número total de todos los posibles genotipos, viables o no, de esa especie es

$$(1) \quad \Gamma = \frac{N!}{N_1! N_2!} 2^N,$$

donde $N_i = f_i N$.

²³ Watson, p. 420.

²⁴ Watson, p. 261.

²⁷ Erwin Chargaff, «Chemical Specificity of Nucleic Acids and Mechanism of their Enzymatic Degradation», *Experientia*, VI (1950), pp. 201-209; Chargaff, «Isolation and Composition of the Deoxyribose Nucleic Acids and of the Corresponding Nucleoproteins», en *The Nucleic Acids*, eds. E. Chargaff y J. N. Davidson (3 vols., Nueva York, 1955-1960), I, pp. 350-360. Véase también Watson, pp. 265 y s.

²⁸ Chargaff, «What Really Is DNA?», p. 319.

²³ No es preciso añadir que lo mismo es aplicable a los huevos de los animales reproducidos de forma asexual. Debo subrayar también que al determinar la estructura de una colonia tenemos que sacrificar de hecho un gran número de individuos.

²⁴ Puesto que se trata aquí de una argumentación por *reductio ad absurdum*, puedo pasar por alto el hecho de que, caso de ser totalmente homocigótico, un animal superior no es viable: siempre existen algunos genes que son letales en el estado homocigótico.

¡Aquí aparece de nuevo la fórmula- H de Boltzmann, la pseudoentropía! Para valores grandes de N , la fórmula (1) da como resultado²⁹

$$(2) \quad \Gamma \approx 10^{N(\log 2 - H_0)},$$

si usamos el logaritmo en base 10, y

$$(3) \quad \Gamma \approx 2^{N(1 - H_2)},$$

si usamos el logaritmo en base 2.

En el caso de la especie humana, hemos de recordar que se estima que N es 5×10^9 . Y, de acuerdo con los resultados de Chargaff³⁰, $f_1 = 0,605$. Así pues, en virtud de la relación (3), el código genético del hombre tiene una capacidad de información de 10^{10} bites. Este número representa también la cantidad de información (en el sentido de Norbert Wiener³¹) del complejo de ADN de todo individuo humano, del suyo o del mío.

La dimensión de la relación entre los genotipos y los fenotipos humanos se capta de forma más directa a través de la relación (2), que da como resultado $\Gamma \approx 10^{3 \times 10^9}$, un número del mismo orden de magnitud que el número mágico 10^{10} , con el que Boltzman pensaba que podía representarse el infinito práctico³². Es cierto que no sabemos (y muy probablemente nunca sabremos) cuántos de los complejos de ADN incluidos en Γ son viables³³; pero, dado el fantástico tamaño de Γ , no podemos dudar de que los complejos viables son más numerosos que todos los protones existentes en el universo (cuyo número, de acuerdo con la suposición de Eddington, sería de 10^{79}). Hay que observar también que, puesto que el peso molecular de un par nucleotídico es 660 daltons, el peso molecular de un complejo de ADN humano es 33×10^{11} , es decir, 165×10^6 veces mayor que el de las proteínas medias incluidas en la caja supercómica mencionada en la Sección 3 anterior. Esta relación de pesos moleculares es tan grande que

²⁹ Aquí hay que subrayar un detalle. En la forma logarítmica de la fórmula de Stirling, $\log(n!) \approx n \log(n/e) + (1/2) \log(2\pi n)$, podemos despreciar el último término para valores muy grandes de n . Esto es lo que hicimos en el Capítulo V, relación (4), y en el Apéndice B, relación (38). Puesto que únicamente estamos interesados en el orden de magnitud, podemos seguir actuando así aquí, a pesar de que nos ocupamos básicamente de Γ , no de $\log \Gamma$.

³⁰ Chargaff, «Isolation and Composition», p. 353.

³¹ Véase la fórmula (18) en el Apéndice B anterior.

³² Apéndice F, nota 12, anterior.

³³ La escasez de nuestros conocimientos sobre el complejo de ADN humano es otro factor que contrasta nitidamente con la confianza que algunos manifiestan acerca de la inminente viabilidad de la ingeniería eugenética o incluso eufenética. Sólo hace unos pocos años se demostró que el número correcto de cromosomas humanos es de 46, en lugar de 48 como se había creído durante mucho tiempo. Véase J. H. Tjio y A. Levan, «The Chromosome Number of Man», *Hereditas*, XLII (1956), pp. 1-6. En lo que respecta al número de genes humanos, no hay más que especulaciones arbitrarias, según las cuales puede haber sólo 50.000 o llegar a 1.000.000. De todos estos, únicamente se ha identificado a unos cien y sólo se ha localizado superficialmente a unos pocos. Véase G. Pontecorvo, «Prospects for Genetic Analysis in Man», en *Control of Human Heredity*, ed. Sonneborn, p. 89.

podemos estar seguros de que, si únicamente los complejos viables se incluyesen en una caja cúbica, esta caja sería igualmente de dimensiones supercómicas.

Por otra parte —lo que es bastante sorprendente—, ¡todos los complejos de ADN de la actual población mundial podrían almacenarse con facilidad en un pequeño dedal! Si un biólogo lograra la imposible hazaña de analizar genéticamente y describir fenotípicamente todas las personas actualmente vivas, su muestra de toda la población progenitora sería proporcionalmente mucho más pequeña que la de una gota de agua respecto de todos los océanos de la Tierra. A pesar de su gran tamaño absoluto, semejante muestra sería totalmente insuficiente para inferir nada sustancial sobre una relación que implica una variable cualitativa (el fenotipo).

Sin embargo, la idea de analizar genéticamente gran número de seres humanos tropieza con un obstáculo más elemental al que, inexplicablemente, se ignora por parte de los planes eugenésicos que piden clínicas en las que se pueda analizar así a todo el mundo. El problema consiste en que, simplemente para imprimir las iniciales A, T, G, C de la secuencia de nucleótidos sólo en un ramal del complejo de ADN, necesitaríamos unos 6.000 volúmenes del mismo tamaño que el que usted está leyendo ahora. Por muy difícil de creer que pueda parecer, la carga de identificación completa de una persona es una pequeña biblioteca que, además, no debe contener ni siquiera un solo error tipográfico. Por consiguiente, antes de airear la idea de las clínicas genéticas, hay que pararse a considerar cuántas impresoras y cuántos correctores de pruebas serían necesarios para respaldar el proyecto y si el mundo seguiría siendo capaz de emprender otra actividad editora. No cabe duda alguna de que, como dictaminó Bentley Glass, «pe-sadilla» es el término apropiado para describir cualquier visión de las clínicas genéticas³⁴.

Creo que nada podría mostrar más dramáticamente la dificultad de la ingeniería biológica que una sólida ciencia analítica. En un extremo, se encuentra el número astronómico de complejos de ADN con otros tantos mapas fenotípicos individualmente distintos; en el otro, las dimensiones inframicroscópicas de los componentes de un inmenso complejo que ha de ser eliminado, sustituido o desplazado.

6. Contra todo lo que he dicho hasta ahora se puede oponer el hecho de que en la biología, más que en las restantes ciencias de la Naturaleza, muchos de los descubrimientos que tienen valor operativo son producto

³⁴ Bentley Glass, «Summary and Concluding Remarks», *Cold Spring Harbor Symposium on Quantitative Biology*, XXIX (1964), p. 478. No necesito insistir en las dificultades especiales: que en la actualidad no tenemos la más ligera idea de cómo aislar cromosomas intactos, de cómo resolver la secuencia ni siquiera de una pequeña molécula de ADN, y así sucesivamente. Véase Chargaff, «What Really Is DNA?», pp. 327-329; H. J. Muller, «Means and Aims in Human Genetic Betterment», en *Control of Human Heredity*, p. 107.

de una investigación inspirada aunque medio a ciegas. Esta postura —a la que ya me he referido— sostiene que el milenio eufenésico y eugenésico para la humanidad puede provocarse exclusivamente en virtud de una serie de golpes de suerte en el laboratorio: el conocimiento de relaciones completas del tipo considerado en la sección precedente no constituye un requisito previo del éxito operativo. Sin embargo, la argumentación no descansa siempre sólo sobre el enfoque simplista de que nadie puede decir que, con el tiempo, no llegue a darse el correcto avance decisivo³⁵. Por regla general, ese enfoque extrapola a partir de ciertos hechos empíricamente comprobados y puede invocar también algunos de los principios viables de la biología molecular. Ahora bien, lo que por encima de todo debería atraer nuestra atención es el hecho de que esas extrapolaciones (al menos todas las que son muy importantes) no son del mismo tipo que las que se encuentran en otras ciencias de la Naturaleza. Las últimas son generalmente extrapolaciones cuantitativas; las primeras están recorridas por un espectro cualitativo que puede ser tan amplio como para incluir todo, desde los bacteriófagos a los mamíferos. Por esta única razón, normalmente tendríamos que esperar el desmoronamiento de una extrapolación biológica, incluso con la más elemental clase de prueba; y en la mayoría de ellas, así sucede.

Podemos comprender con facilidad por qué los microorganismos, especialmente los bacteriófagos, han suministrado el campo de investigación preferido por los biólogos moleculares y químicos. Las bacterias y los virus son baratos y, sobre todo, producen una generación adicional en unos pocos minutos. Sin embargo, estas facilidades tienen su precio: han causado una deformación profesional a la que sólo unos pocos biólogos moleculares han quedado inmunes. Se trata del complejo de bacteria, como podemos llamarlo. Se trata del dogma de que «todo éxito en la manipulación o el control de material genético de microorganismos sería aplicable en último término a organismos superiores multicelulares, incluido el hombre»³⁶. Para justificar esta predicción se necesita mucho más, muchísimo más, que la mera observación de que la bioquímica de la célula debe estar sujeta en ambos casos a las mismas leyes. Si las estructuras implicadas son tan notablemente diferentes como una bacteria y un hombre, la identidad de principios no asegura necesariamente la igualdad de resultados. Las células de los organismos superiores son más complicadas que las de las bacterias: en

lugar de uno simple, tienen un conjunto cromosómico doble. Entre otras muchas cosas, podemos citar la diferencia entre las membranas celulares y nucleares de los dos tipos de células.

Pero las diferencias más importantes tienen sus raíces en el hecho de que, a diferencia de todas las células somáticas de un organismo, una colonia de una bacteria o de un bacteriófago representa una masa homogénea. Las bacterias y los bacteriófagos no hacen más que reproducirse sin cesar y la mayoría de las veces, de forma idéntica. Frente a ello, el huevo fertilizado de un organismo superior da lugar a un inmenso número de nuevas células que manifiestan diferencias cualitativas categóricas. Ninguna de esas células es idéntica, ni siquiera de forma aproximada, al propio huevo.

Indudablemente, las células somáticas se dividen y forman colonias si se las separa del organismo y se las proporciona condiciones adecuadas para desarrollarse; pero, incluso en este caso, el proceso no es el mismo que en el de las bacterias. Como subrayan muchos especialistas, todo cultivo celular acaba por ser una colonia de células *degeneradas*, más cercanas a las células cancerígenas que a las normales³⁷.

Si, por ejemplo, una bacteria entra en contacto con un bacteriófago, sabemos lo que pasará: el bacteriófago penetrará la célula de la bacteria y, dependiendo de las circunstancias, la destruirá o se incorporará a ella. Ahora bien, si los virus entran en el cuerpo humano, nadie puede predecir con precisión qué células se verán afectadas o qué le sucederá al propio organismo. Esta cuestión es importante para la idea aireada por muchos biólogos de la posibilidad de curar la diabetes u otros defectos similares heredados reemplazando algenésicamente el gen culpable. Es de suponer que la idea implica que el gen culpable se sustituirá en cada una de las células del organismo. Sin embargo, aparentemente nadie ha intentado siquiera sugerir que podría llevarse a cabo tan fantástica operación. ¡Un organismo humano tiene unas 5×10^{12} células somáticas!

Por estas y por otras razones, más técnicas, más de un biólogo insiste en que un sistema de microorganismos o un cultivo celular han de contemplarse exclusivamente como modelo útil, «una herramienta para aprender trucos y desarrollar técnicas» para objetivos posteriores³⁸. Y los mismos autores nos llaman unánimemente la atención contra la falsa esperanza creada al extrapolar a organismos multicelulares las operaciones algenésicas válidas para estructuras unicelulares. Como nos advierte Watson, «no debemos dejarnos fascinar por nuestros éxitos pasados al afirmar ciegamente

³⁵ El enfoque se usa, por ejemplo, por Tatam en «Perspectives», p. 34, y por Robert DeMars en «Investigations in Human Genetics with Cultivated Human Cells: A Summary of Present Knowledge», en *Control of Human Heredity*, p. 77.

³⁶ Tatam, «Perspectives», p. 22. Sin embargo, al igual que muchos de sus también distinguidos colegas, Tatam vuelve pronto a dudar de que ninguna de «las técnicas de ingeniería genética microbiana tenga suficiente eficiencia o especificidad para garantizar la esperanza de su aplicabilidad a más de una situación excepcional [en] organismos superiores, como el hombre». *Ibid.*, p. 28.

³⁷ Harris, *Cell Culture*, pp. 162-169 y 176 y s.; Alex Comfort, «Longevity of Man and his Tissues», en *Man and His Future*, p. 225; G. Klein, «Discussion - Part II», en *Control of Human Heredity*, p. 93. Este hecho añade un gran interrogante a otra extrapolación sobre la que Joshua Lederberg edifica parte de sus grandes esperanzas características. Véase su «Biological Future of Man», en *Man and His Future*, ed. Wolstenholme, p. 265.

³⁸ G. Pontecorvo, «Discussion - Part II», en *Control of Human Heredity*, p. 96.

que nuestros logros a nivel molecular con bacterias pueden extenderse de forma automática a las células de [objetos extremadamente complejos, tales como] vegetales y animales superiores»³⁹. Sin embargo, es posible que la forma más simple y más directa de exponer la dificultad central sea la prueba final de Klein: «si una célula humana se comporta... como un microbio, no es ya una célula humana, ni mucho menos un hombre»⁴⁰.

7. Como se mencionó en el Capítulo XI, Sección 5, anterior, los experimentos con anfibios iniciados por R. Briggs y T. J. King suministran la base para la afirmación de que la clonación de personas es una hazaña biológica inminente. Aun cuando en este caso la extrapolación es mucho más modesta que la existente entre microbio y hombre, descansa sobre una confusión entre principios y hechos tan enorme como la que se encuentra tras cualquier otra de las extravagantes visiones eufenísticas o eugenésicas.

Es importante que tengamos presente de entrada los dos principios que constituyen el indispensable entramado teórico de la posibilidad de clonar no solamente a personas sino a toda especie reproducida sexualmente. Esos principios son: (1) *La Suficiencia Cromosomática*, que proclama que toda la información necesaria para el desarrollo y funcionamiento de un organismo está contenida en el ADN cromosomático del huevo fertilizado; y (2) *La Identidad Cromosomática*, que afirma que el complejo cromosomático de toda célula somática es idéntico al del huevo a partir del que se ha desarrollado el organismo⁴¹.

Los hechos que insinúan la posibilidad de la clonación artificial se remontan en realidad a los famosos experimentos de Hans Driesch (1891), quien demostró que un organismo puede desarrollarse no sólo a partir de un huevo sino también a partir de una célula somática, siempre que esto suceda en una fase embrionaria muy primitiva⁴². Los descubrimientos de Briggs y King representan un nuevo paso en el mismo sentido: ponen de manifiesto que, incluso en una fase posterior del desarrollo, un núcleo somático es capaz de provocar el desarrollo si se le trasplanta a un huevo enucleado; pero también muestran algo igualmente importante, que cuanto más avanzada sea la fase de la que proviene el núcleo somático, menor es la probabilidad de que el huevo así creado por ingeniería se desarrolle más allá de cierto estado. En otras palabras, con cada nueva fase del

desarrollo, el núcleo somático pierde progresivamente su poder de provocar el desarrollo. Si la fase es demasiado avanzada, el núcleo no puede ya producir desarrollo alguno⁴³.

Incluso aunque soslayemos el problema de dónde puede terminarse sin peligro alguno el desarrollo de un huevo humano creado por ingeniería (no debe pasarse por alto el problema del rechazo), los experimentos de Briggs-King pueden justificar únicamente la clonación de personas a partir de células embrionarias. Sin embargo, a nivel embrionario no hay Einsteins o Beethovens reconocidos. En el análisis final, los resultados obtenidos por Briggs y King (y, más tarde, por otros) apuntan exactamente en el sentido opuesto al considerado por los defensores de la viabilidad de la clonación. Lejos de apoyar esa visión, tales resultados han puesto de manifiesto algunos obstáculos sustanciales a la misma. En primer lugar, como mínimo ponen en tela de juicio la validez del Principio de Identidad Cromosomática. Aún más, fortalecen, en vez de debilitar, la postura de que el desarrollo de un huevo dentro de un organismo es un fenómeno irreversible (mejor dicho, irrevocable). De acuerdo con esta postura, una célula somática completamente diferenciada —un nervio, un hígado o una célula medular de un animal totalmente desarrollado, por ejemplo— no puede volver ni por sí misma ni por medio de la intervención del hombre a su estado inicial de un huevo capaz de desarrollarse en un nuevo organismo⁴⁴.

Curiosamente, el hecho de esta irreversibilidad es aceptado incluso por los biólogos que permanecen aferrados al Principio de Identidad Cromosomática, principio con el se encuentra en flagrante contradicción. Así, no debiéramos sorprendernos si alguno de los mismos biólogos admite en último término que el proceso por el que un organismo se desarrolla a partir de una célula constituye una fuente permanente de perplejidad para los biólogos⁴⁵. En este aspecto, son de la misma opinión que los biólogos «tradicionales» que han venido insistiendo continuamente en que el desarrollo a cualquier nivel de organización sigue siendo «un proceso en gran parte inaccesible e ininteligible» desde el punto de vista molecular⁴⁶.

Ha sido especialmente en relación con los Principios de Suficiencia e Identidad Cromosómicas donde han surgido las mayores y más serias dificultades del desarrollo. Con el fin de llevar a cabo una rápida revisión, sea C_i^k una de las células existentes tras las primeras k divisiones de un huevo fertilizado C_1^0 . De acuerdo con los descubrimientos de Driesch, cada una

³⁹ Watson, p. 414. Advertencias semejantes, incluso más claras, llegan de muchos otros autores. Por ejemplo, Luria, «Directed Genetic Change», pp. 14-16; R. D. Hotchkiss, G. Klein, «Discussion - Part I», en *Control of Human Heredity*, pp. 41-44; Pontecorvo, «Prospects», p. 89.

⁴⁰ Klein, «Discussion - Part II», en *Control of Human Heredity*, p. 92.

⁴¹ En lo que se refiere a estos principios, véase Watson, pp. 10 y s., 255 y 418. (El Principio de Identidad Cromosomática no debe confundirse con la especificidad del ADN establecida por Chargaff).

⁴² Véase el Capítulo V, Sección 1, anterior, especialmente las notas 16-18. Véase también Jacques Loeb, *The Organism as a Whole from a Physicochemical Viewpoint* (Nueva York, 1916), cap. vi; Harris, pp. 3-5.

⁴³ R. Briggs y T. J. King, «Changes in the Nuclei of Differentiating Gastrula Cells, as Demonstrated by Nuclear Transplantation», *Proceedings of the National Academy of Sciences*, XLI (1955), p. 322, y «Nuclear Transplantation Studies on the Early Gastrula, *Rana pipiens*», *Developmental Biology*, II (1960), pp. 252 y 266. Véase también la nota 118 del Capítulo XI anterior.

⁴⁴ Para referencias, véase la nota 123 del Capítulo XI anterior.

⁴⁵ Watson, p. 416.

⁴⁶ Datington, p. 162.

de las C_1^1 y C_2^1 puede desarrollarse en un organismo completo si están *separadas* en esa fase. Por consiguiente, serían idénticas *in toto* a C_1^0 . Pero, en ese caso, ¿por qué habría que dejar que las mismas células *no separadas* se desarrollasen en un solo individuo? Igualmente, si $C_1^0 \equiv C_1^1 \equiv C_2^1$, por inducción tendríamos $C_1^0 \equiv C_1^1$ para todo i y k ; es decir, no habría desarrollo sino sólo crecimiento, como en el caso de la bacteria. Por otra parte, si aceptamos la idea de que el desarrollo comienza únicamente tras una división determinada, introducimos un salto cualitativo de difícil justificación desde el punto de vista fisicoquímico. Es posible que debamos suponer que dentro de todo huevo fertilizado existe cierto tipo de mecanismo temporal; pero si lo hacemos así, ¿cómo podemos conciliar el desarrollo con el Principio de Identidad Cromosomática?

Con el fin de preservar este último principio, se ha sugerido que no todos los genes están vivos en todo momento. La idea, a su vez, conduce a un sistema muy complicado de «represores» e «inductores». Pero, una y otra vez, todas las pruebas relacionadas con este sistema represivo-depresivo nos llegan de los bacteriófagos o de las bacterias⁴⁷. Además, nadie parece dispuesto a afirmar que este sistema sea suficiente para explicar diferencias de comportamiento, ni siquiera en el caso de microorganismos. Y, lo que es más importante, no existe indicio alguno de que un represor-desrepresor sea responsable del hecho de que una célula hepática sintetice proteínas distintas de las sintetizadas por una célula nerviosa. Como sostienen algunos biólogos, quizá los genes reprimidos «no existan en absoluto»; e insisten, con razón, en que no disponemos de contrastación alguna del Principio de Identidad Cromosomática⁴⁸.

La defensa indirecta de este principio (corregido por un sistema represor-desrepresor) dice que «nadie será capaz jamás de resolver *todos* los detalles químicos» del desarrollo somático y que seguimos siendo incapaces «de estudiar la diferenciación fuera de un organismo intacto»⁴⁹. De este modo, únicamente logramos velar la verdad, que consiste en que el desarrollo de un organismo no puede reducirse a una biología de la célula individual. El desarrollo es un proceso que implica a todas las partes (no sólo al ADN cromosomático) del huevo y, posteriormente, a todas las células somáticas.

⁴⁷ En lo que respecta a este sistema y al problema de la diferenciación somática, véase Watson, caps. 14 y 15. En los últimos años, las pruebas (en relación con los bacteriófagos y las bacterias) se han visto enriquecidas con el exitoso aislamiento de algunos «represores». Véase, por ejemplo, W. Gilbert y B. Müller-Hill, «Isolation of the *Lac Repressor*», *Proceedings of the National Academy of Sciences*, LVI (1966), pp. 1.891-1.898, y, de los mismos autores, «The *Lac Operator* Is DNA», *ibid.*, LVIII (1967), pp. 2.415-2.421.

⁴⁸ Klein (citado en la nota 37), p. 94. Con respecto a esta duda, podemos resaltar el hecho recientemente constatado de que las células de un organismo femenino no son genéticamente idénticas: existe una notable diferencia entre los dos cromosomas X de unas células y los de otras. Watson, p. 419.

⁴⁹ Watson, pp. 418 y 438.

En mi opinión, se trata de un juicio sintético y, como tal, no precisa contrastación. Sólo una filosofía ultramecanicista pudo hacernos rechazar este juicio. Así, actualmente consideramos cada contrastación de su validez llevada a cabo en el laboratorio aún más valiosa de lo que en otro caso justificaría su contenido específico⁵⁰.

El Principio de Suficiencia Cromosomática plantea también un difícil problema en relación con los resultados de Briggs-King. Si el citoplasma no desempeña un papel definido en el desarrollo, ¿por qué un núcleo somático provocaría el desarrollo sólo si se *trasplantase dentro del citoplasma de un huevo*? Que yo sepa, ningún biólogo ha considerado jamás este problema. Creo que la explicación es bastante sencilla, además de muy esclarecedora.

Fascinados como están por el álgebra combinatoria del modelo mendeliano simple y, más recientemente, por códigos y codones, ninguno de los biólogos modernos parece comprender que es mucho más importante saber qué es lo que «hace» que una mata de guisantes *tenga flores* que saber qué es lo que «hace» que sus flores *sean rosas*⁵¹. Es curioso observar cómo un biólogo tras otro niegan toda simpatía por el idealismo a la vez que hablan de *forma sin sustancia*, es decir, sólo acerca de los determinantes de los caracteres. Incluso aquellos biólogos que no reducen la biología a fenómenos moleculares, nos enseñan que lo que heredamos es exclusivamente la potencialidad de desarrollar este o aquel carácter⁵². De esta forma, no se llega a plantear la muy simple cuestión: ¿por qué un huevo fertilizado de un ratón *blanco* no se desarrolla en un conejo *blanco* o, incluso, en un oso *blanco*? Ahora bien, para hablar acerca del cuerpo material, no sólo sobre caracteres, hay que admitir que también el citoplasma desempeña un papel definido tanto en la herencia como en el desarrollo somático. El problema reside en que ese papel, pese a que ya no puede ponerse en duda, no encaja en el modelo mendeliano⁵³. Darlington pone el dedo en la llaga de la

⁵⁰ Esto no implica que algunas pruebas de la interacción celular no sean muy interesantes por sí mismas. En lo que se refiere a tales pruebas, véase, por ejemplo, W. R. Loewenstein, «Communication through Cell Junctions: Implications in Growth Control and Differentiation», en *Developmental Biology*, 1968, Supl. 2, pp. 151-183.

⁵¹ El modelo mendeliano simple supone que cada carácter tiene solamente dos formas —por ejemplo, rosa y blanco— que están controladas por un par de alelomorfos con independencia de otros caracteres. Sin embargo, la mayoría de las veces un gen controla varios caracteres (pleiotropismo) y un carácter es controlado por varios genes (poligenia). Además, la forma en que actúan los poligenes sigue siendo un gran misterio, hecho que plantea una drástica limitación a las prácticas eugenéticas. Véase P. B. Medawar, *The Future of Man* (Nueva York, 1960), pp. 54 y s.; Theodosius Dobzhansky, «Human Genetics - An Outsider's View», *Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology*, XXIX (1964), p. 3. La cuestión afecta a la visión eufenética, antes mencionada, que está basada en la idea de que solamente un gen es responsable de los defectos innatos.

⁵² Por ejemplo, C. H. Waddington, *Nature of Life*, p. 29.

⁵³ En lo que respecta al papel de los plasmagenes (los elementos activos del citoplasma) en la herencia, hay que recurrir normalmente a la literatura especializada, por ejemplo, Harris, pp. 2 y