

## La biología molecular: ¿revolución o cierre?

Alberto Hidalgo Tuñón  
Universidad de Oviedo

### Resumen

El surgimiento de la biología molecular en la frontera que separa la teoría genética y la bioquímica constituye un buen banco de pruebas para distintas estrategias metacientíficas. El teoreticismo de las revoluciones científicas de Thomas S. Kuhn propende hacia un constructivismo social que no sirve para dar cuenta de la posible verdad y corrección del teorema de la doble hélice. El enfoque semántico (desarrollado por J. Sneed, W. Stegmüller, U. Moulines, etc.), aunque pretende adecuar sus análisis a los contenidos estructurales y al significado de los teoremas científicos, acaba disolviendo éstos en meras correspondencias formales. La teoría del cierre categorial, en cambio, se adscribe a un constructivismo circularista que permite entender los dogmas sobre la estructura del ADN como si fueran identidades sintéticas materiales sin desdeñar por ello los aspectos pragmáticos, históricos y sociales, que valoran en su justa medida las aportaciones del grupo Fago, de Watson y Crick, de Pauling o de las universidades implicadas.

### Abstract

The emergence of molecular biology at the border that separates the genetic and biochemical theory provides a good testbed for various strategies meta-scientific. The theoreticism of Scientific Revolutions by Thomas S. Kuhn tends towards social constructivism does not serve to account for the possible truth and correctness of the double helix's theorem. The semantic approach (developed by J. Sneed, W. Stegmüller, U. Moulines, etc.), although seeks to adapt its analysis to the structural content and meaning of scientific theorems, they eventually dissolve them into formal correspondences. The theory of categorial closure, however, is attached to a circular constructivism for understanding the dogmas of the structure of DNA as identical synthetic materials without thereby neglecting the pragmatic aspects, historical and social, that value into perspective the contributions of Phage group, Watson and Crick, Pauling or the universities involved.



## La biología molecular: ¿revolución o cierre?

Alberto Hidalgo Tuñón  
Universidad de Oviedo

«El mirífico orto» de la biología molecular —como diría un orteguiano—, acaecido según parece hace poco más de treinta años, constituye un buen banco de pruebas para toda teoría postpopperiana de la ciencia con pretensiones de explicar la génesis o el contexto de descubrimiento de una nueva ciencia o especialidad académica. Abundantes documentos y testimonios tanto sobre los aspectos teóricos y epistemológicos como sobre los acontecimientos institucionales, sociológicos e incluso psicológicos permiten arrojar sobre los datos una luz no por intensa menos deslumbrante. Puesto que el descubrimiento de la estructura del ADN, plasmada en el modelo de la doble hélice de James Watson y Francis Crick, se considera habitualmente el acontecimiento decisivo que vino a «revolucionar» la biología moderna, pues proporciona una explicación convincente de la forma en que está organizada y la manera en que funciona y se automultiplica la materia viva, no es extraño que sociólogos e historiadores hayan focalizado sus instrumentos analíticos en la dirección apuntada por estos dos personajes. En particular, el fascinante relato de James Watson en *The double helix* (1968) alienta una interpretación contingentista y socio-histórica sobre los orígenes y constitución de la biología molecular que no se compadece para nada con las metodologías justificacionistas que pretenden desvelar la lógica subyacente de los descubrimientos científicos.

«Como espero que este libro muestre —asegura Watson en el «prefacio»— la Ciencia rara vez avanza en el sentido recto y lógico que imaginan los profanos. En lugar de ello, sus pasos hacia delante (y, a veces, hacia atrás), suelen ser sucesos muy humanos en los que las personalidades y las tradiciones culturales desempeñan un importante papel» (*ib.*).

Incluso el criterio epistemológico más profundo que parece guiar su relato, «que la verdad, una vez hallada, ha de ser sencilla además de bella», es decir, el clásico criterio de simplicidad, queda reducido al papel de una mera «convicción» personal fruto exclusivo de una «arrogancia juvenil».

### 1. La interpretación kuhniana: ¿matriz disciplinar o ejemplar?

Aunque Thomas Kuhn en su calidad de riguroso historiador de la ciencia, que lo es, no se ha ocupado directamente de la constitución de la biología molecular ni se ha pronunciado sobre su carácter revolucionario, en la nota 5 de sus *Second Thoughts on Paradigms* (1974) ha concedido sus bendiciones a la interpretación de la misma realizada por M. C. Mullins tanto en su tesis doctoral (1966), como, sobre todo, en su artículo de *Minerva* (1972), en el que reorganiza en términos de «revolución científica», «éxito del paradigma» y «ciencia normal los detallados estudios histórico-sistemáticos de G. S. Stent (1968, 1971). Lo que Kuhn aprecia en Mullins es la utilización de complejas técnicas empíricas de carácter sociológico que le permiten localizar fehacientemente la comunidad científica o «colegio invisible» de los biólogos moleculares. Al segundo Kuhn esta premisa empírica le parece

imprescindible para establecer el significado del propio concepto de paradigma. Cabe incluso sospechar que los *Second Thoughts* se inspiran en los trabajos sociológicos de Mullins, D. J. S. Price y otros como única alternativa viable para conservar lo que de valioso pudiera quedar en su primitiva noción de paradigma tras las encarnizadas críticas de que fue objeto *La estructura de las revoluciones científicas* (1962).

Como es bien sabido —aunque muchos siguen utilizando alegremente la gratificante terminología de «paradigmas» y «revoluciones»— Kuhn ha reconocido en 1974 la esencial ambigüedad que vicia su utilización del término «paradigma». Tras los desapasionados análisis de Dudley Shapere (1964,1966) y Margaret Master (1970) se ha visto obligado a proponer dos conceptos nuevos, menos confusos para sustituirlo adecuadamente: *matrices disciplinares* y *ejemplares*. Una «matriz disciplinar» viene a ser el conjunto de presupuestos compartidos que explican el carácter relativamente apromblemático de la comunicación profesional y la relativa unanimidad de juicio dentro de una comunidad científica. Entre los componentes de la matriz Kuhn destaca tres que considera esenciales para el funcionamiento cognoscitivo del grupo: *generalizaciones simbólicas* (componentes formales o formalizables, cuasitautológicos), *modelos* (o conjunto de analogías preferidas de carácter ontológico y heurístico) y *ejemplares* (o soluciones «paradigmáticas» de problemas tipo concretos aceptadas por el grupo). En sentido estricto el término paradigma debe asimilarse exclusivamente a esta última noción de *ejemplar*. De ahí que ahora la «ciencia normal» consista básicamente en la adquisición de ejemplares estandarizados en el seno de la comunidad científica, proceso al que Kuhn dedica extensos análisis de lo que muy bien podría catalogarse como psicología genética del pensamiento científico.

De acuerdo con esta nueva conceptualización puede inquirirse legítimamente en qué se cifra ahora un cambio revolucionario. Kuhn parece emitir dos respuestas diferentes. Por un lado se nos dice que «las alteraciones que se producen en cualquiera de los componentes de una matriz disciplinar pueden dar lugar a cambios del comportamiento científico que afectan tanto a la materia particular de las investigaciones de un grupo como a sus patrones de verificación» (1974). Pero, acto seguido, renuncia a defender una tesis tan general, tal vez porque muchos de esos cambios pueden catalogarse como desarrollos científicos normales. Más específicamente en la nota 14 del mismo trabajo aventura la sospecha de que «las revoluciones científicas pueden distinguirse de los desarrollos científicos normales en que las primeras requieren, cosa que no sucede con los segundos, la modificación de las generalizaciones que habían sido consideradas anteriormente como cuasi-analíticas» (*ib*), es decir, de las generalizaciones simbólicas<sup>1</sup>.

<sup>1</sup> Omito en el texto cualquier referencia a las distintas reconstrucciones formales de que han sido objeto en la última década las ideas de Kuhn. Las ejecutadas por los teóricos de la ciencia adscritos al llamado *enfoque semántico* (Sneed, 1971; Stegmüller, 1973), partidarios de la autodenominada concepción estructuralista no-enunciativa de las teorías, no obstante, han sido valoradas elogiosamente por el propio Kuhn (1977): «Stegmüller... ha entendido (mis trabajos) mejor que cualquier otro filósofo que se haya detenido en sus análisis». En la medida en que tales reconstrucciones han influido en las posiciones epistemológicas de Kuhn antes de 1975 y han contribuido a elucidar y racionalizar sus planteamientos, parece obligado justificar esta omisión. Aunque para los propósitos de este trabajo bastaría aducir su irrelevancia *defacto* para la biología molecular, voy a explicitar las razones de fondo que me inducen a pensar que tal irrelevancia no es coyuntural.

*En primer lugar*, recuérdese que el aparato conceptual estructuralista exige como precondition para su aplicabilidad la axiomatización de una teoría por parte de los propios científicos. Este no es el caso de la biología molecular. No es casual que hasta ahora los estructuralistas semánticos se hayan limitado al estudio de teorías físico-matemáticas altamente desarrolladas, en especial la mecánica de partículas y la

Pues bien, al margen del poco éxito que los últimos desarrollos de Kuhn han tenido para zafarse de las objeciones de sus críticos —y no por falta de conmensurabilidad (F. Suppe, 1974) — está claro que la pregunta de si la biología molecular constituye o no una auténtica «revolución» debe plantearse en términos de si ha habido o no un cambio de matriz disciplinar de las ciencias biológicas o un simple cambio de ejemplares. La tesis que mantengo en esta primera parte es que la biología molecular no ha implicado cambios relevantes en la matriz disciplinar de las ciencias biológicas ni por lo que respecta a las generalizaciones simbólicas desde que Shleiden y Schwann establecen en 1838 la *teoría celular* (presencia de células en todos los organismos vivos, continuidad genética de la materia viva, explicación de las funciones a partir de las estructuras subyacentes, etc.), ni por lo que respecta a los modelos ontológicos de la bioquímica, en particular (que siguen siendo de carácter básicamente mecanicista y reduccionista). Quizá el único cambio destacable concierne al nivel de resolución en el que se estudia la materia viva, es decir, el nivel molecular<sup>2</sup>. Pero tal cambio parece atribuible también a la bioquímica,

---

termodinámica (cfer. Moulines, 1982). No conozco aplicación alguna de este enfoque a teorías biológicas, pese a que algunos desarrollos de la teoría de sistemas y, sobre todo, la axiomatización de la genética efectuada por J.H. Woodger habrían allanado el camino suficientemente para tal aplicación. Tan estricta exigencia formal no es una objeción de principio, pero supone un hándicap respecto a teorías de la ciencia, como el cierre categorial, cuyo aparato conceptual más flexible le permite analizar teorías científicas más «blandas», i. e., no axiomatizadas.

Es posible que, en breve, los semánticos aborden teorías biológicas. Pero este hecho no modificaría la validez de las opiniones vertidas en el texto respecto a Kuhn, porque, *en segundo lugar*, su concepción es *independiente* del enfoque de Sneed. Es cierto que ambos han entrado en contacto y que tal contacto parece armónico por el momento. Pero me parece que los estructuralistas salvan los conceptos kuhnianos de interpretaciones sociológicas a lo Mullins en base a un *reduccionismo* metacientífico. El propio Stegmüller no se cansa de repetir en sus últimos escritos (1979, 1982) que «no hay conexión obligatoria y lógica alguna» entre la nueva corriente semántica y la interpretación de Kuhn. La reconstrucción de sus ideas sólo es un «resultado secundario», no perseguido ni previsto *apriori* en su teoría de la ciencia. Por tanto, arguye frente a los críticos, lejos de ser la mera aplicación *ad hoc* de un aparato formalista destinado a salvar la filosofía de la ciencia de Kuhn, se trata de una nueva teoría de la ciencia que goza de una amplitud y una potencia superiores, pues además de explicar la estructura lógica de las teorías científicas recoge los elementos *dinamistas* y *pragmáticos* subrayados en sus estudios históricos. Esta extraña mamalgama de *independencia* (verbal) y *reduccionismo* (efectivo) deberá aclararse metacientíficamente algún día. Entre tanto, a despecho de sus versallescos intercambios, la independencia parece convertirse en conflicto. Kuhn no acepta la central distinción entre términos teóricos y no-teóricos y discrepa profundamente del análisis semántico sobre su concepto de «incomensurabilidad». Y no se trata de un conflicto menor, pues la incomensurabilidad resulta el criterio central para detectar «revoluciones». La mecánica clásica sigue pareciéndole a Kuhn irreducible a la teoría de la relatividad y los procedimientos semánticos habilitados para la reducción puramente *circulares* (1977). *En tercer lugar*, la discrepancia se acentúa cuando se pasa al análisis de ejemplos históricos concretos. El caso de la biología molecular podría resultar «paradigmático». Si he captado correctamente el sentido de la concepción estructuralista me parece que el descubrimiento de la estructura del ADN, a la luz de la información proporcionada en el texto, podría interpretarse intuitivamente como un caso prototípico de transformación de un modelo parcial potencial (perteneciente al conjunto **Mpp**, si se pudiera formalizar eventualmente) en un modelo parcial de carácter empírico (perteneciente a **M<sub>p</sub>**) más dos condiciones de ligadura nuevas con términos bioquímicos y genéticos. Esto significa una nueva especialización de la biología y el cambio operado podría entenderse como una ampliación de la red teórica, a lo sumo, pero sin modificación del núcleo teórico (**N**). Por tanto, según el enfoque semántico, no habría aquí cambio revolucionario alguno en contra de la opinión de Mullins. Sería interesante que los estructuralistas se decidieran a definir el predicado «teoría biológica», porque obligarían a Kuhn a salir de la nebulosa indeterminación a que conduce la doble definición citada en el texto de «revolución científica». Por añadidura, ayudarían a los biólogos a resolver sus propias perplejidades de demarcación con sus poderosas herramientas conjuntistas. En cualquier caso, no es mi propósito polemizar aquí con el enfoque semántico. Mientras no se pronuncien sobre la biología molecular, me parece que procede *omitir* prudentemente sus desarrollos kuhnianos. Para una visión crítica del concepto de «revolución» en términos también semánticos y conjuntó las que llega a resultados similares en el caso de la biología molecular *vide* Bunge (1982, 1983).

<sup>2</sup> El concepto «nivel de resolución» ha de entenderse aquí en un sentido gnoseológico y analítico. Debe distinguirse de su inverso (nivel de organización o de integración) frecuentemente utilizado en la biología sistémica con fuertes connotaciones ontológicas. Técnicamente el concepto guarda estrechas analogías con la capacidad de resolución de los aparatos o instrumentos científicos: microscopios electrónicos, centrifugadoras, etc. El *aparato teórico* de la biología molecular permite analizar estructuras más finas (primarias: la secuencia de los ácidos aminados) que cualquier otra disciplina biológica, incluyendo la genética. La concepción *instrumentalista* de las teorías vería, sin duda, un cambio en el nivel de resolución como un cambio teórico significativo. Pero para Kuhn (1977) un mero cambio de nivel no implicaría por sí solo una «revolución» científica, salvo que fuera acompañado de cambios semánticos en los términos: la incomensurabilidad semántica (y no la reducción) induciría entonces un desalojo teórico revolucionario. La pregunta pertinente en este caso parece ser: ¿qué cambios semánticos ha operado la biología molecular? Sugiero que la cuestión debería explorarse en una dirección doble: (a) La primera viene exigida por la introducción de un lenguaje *informativista* en biología a través de la genética molecular hacia los sesenta. Se había, en efecto, de «replicación», «transcripción» y «traducción» de la información genética, así como de «código» y «expresión» genéticas. ¿Implica esta terminología informativista una nueva teoría genética pivotada sobre el *dogma central* con una semántica distinta de la acoplada a la bioquímica y a la genética mendeliana o se trata de una metáfora prescindible? El problema gnoseológico no reside en la homologación o no del concepto de información, sino en su capacidad explicativa de los fenómenos biológicos. Aun reconociendo con Lwoff (1962, 1965) que la información en biología se refiere a «la secuencia específica de los ácidos nucleicos en el material genético» y que, por tanto, «el cálculo de la negentropía

denominación utilizada por primera vez en 1903 por Neuberger, un año después de que Fischer y Hofmeister demuestran que las proteínas son polipéptidos y 34 años después de que Miescher descubriera el ADN en 1869<sup>3</sup>. En este sentido, Mario Bunge (1982) ha observado correctamente que «si aceptamos las ideas de Kuhn... Crick y Watson, que trabajaban dentro de un determinado paradigma construido por otros y sobre un problema propuesto por otros» estaban ocupados en modestos proyectos de *ciencia normal*, es decir, estaban rellenando agujeros<sup>4</sup>.

Puede admitirse, sin embargo, que la biología molecular implica cambios de ejemplares o soluciones paradigmáticas para problemas tipo. Pero estos cambios son tan débiles que difícilmente podrían considerarse

---

utilizando las fórmulas de Shannon no se aplica en absoluto al ser vivo», queda por aclarar el estatuto gnoseológico de estos términos informativistas supuestamente específicos en el seno de las ciencias biológicas. Esta cuestión puede parecer demasiado especulativa y cae fuera de los propósitos de esta comunicación; pero biólogos hay que se sienten incómodos con la terminología e intentan ignorarla, (b) La segunda dirección que sugiero es más sustantiva y conecta de lleno con el tema abordado en el texto. Podría formularse brevemente así: ¿qué significa epistemológicamente la afirmación, por ejemplo, de que la biología molecular ha logrado *integrar* la bioquímica con la genética? El problema semántico consiste ahora en determinar a qué cuerpo teórico pertenecen los términos, leyes, principios y demás constructos aportados por la biología molecular. Ello nos remite directamente al tema de la unidad interna de la bioquímica y al de sus relaciones con el resto de las disciplinas biológicas (cfer: nota 3).

<sup>3</sup>. Si la biología molecular quedase confinada a ser un mero desarrollo de la bioquímica, como pretenden muchos bioquímicos, no estaría justificada la parafernalia «revolucionaria» de que se acompaña habitualmente su advenimiento. Este es el sentido polémico de la afirmación del texto. Pero, acto seguido, debo advertir que en la medida en que los avances de nuestro conocimiento sobre las bases moleculares de la genética «han afectado profundamente a todos los campos de la Biología» (Lehninger, 1981), tal desarrollo, aunque no pueda describirse adecuadamente como una «revolución kuhniana», parece desbordar los parámetros de la bioquímica clásica. Aun cuando el «nivel de resolución» de la biología molecular (las macromoléculas) sea abordable desde la bioquímica, algunos miembros de esta comunidad abrigan temores no del todo injustificados. Del mismo modo que el surgimiento de la bioquímica arrinconó a los antiguos especialistas en química orgánica en el estrecho campo tecnológico de la polimerización de plásticos, la biología molecular podría convertir a la bioquímica clásica en una ciencia auxiliar reducida a estudiar fenómenos bioenergéticos (el ciclo de ATP), vitaminas y enlaces de fosfato. Pues bien, aunque así fuera, me parece que los conceptos kuhnianos de «revolución» y «paradigma» no servirían para dar cuenta de esta situación ni desde un punto de vista genético, ni desde un punto de vista estructural. Más adelante discuto en el texto la inadecuación genética de la reconstrucción de Mullins. Permitaseme discutir aquí la inadecuación estructural del esquema de Kuhn.

Estructuralmente sólo habría «revolución» en el sentido de Kuhn si, además de constituirse en un nuevo campo, la biología molecular vaciase de significados algunas teorías biológicas vigentes (eminentemente la genética) al proponer alternativamente un sustituto teórico, cuyos términos fueran inconmensurables respecto a las teorías estándar. Este esquema de *sustitución* no es, sin embargo, el único concebible estructuralmente para articular la noción de *integración* mencionada atrás (nota 2). Moulines (1982), por ejemplo, distingue cinco esquemas de lo que él llama «relaciones inter-teóricas» *diádicas* y señala acertadamente que toda discusión epistemológica parece concentrarse «en la dicotomía: *incompatibilidad versus reducción*». Utilizando su nomenclatura vale decir que nadie ha presentado para el caso que nos ocupa esquemas estructurales de incompatibilidad, ni en el sentido (1)  $T \cap T' = \emptyset$ , ni en el (2)  $\nexists e \in T; \nexists e' \in T' \text{ s.t. } e \rightarrow e'$  únicas capaces de otorgar sentido estructural a una «revolución kuhniana» (ya he indicado que la reconstrucción de Mullins sólo tiene significado genético y sociológico, pero no estructural). En cambio, Ruse (1973), siguiendo a Benzer (1962) y otros sostiene que la *reducción* de la genética mendeliana a la genética molecular (esquema (4)  $T \supset T'$  de Moulines) «ha sido rigurosamente realizada», pese a la falta de formalización completa de ambas disciplinas. Entre los biólogos, sin embargo, lo más frecuente *parece ser* el esquema (3)  $T = T'$ , que Moulines considera poco interesante por tratarse de una «identidad camuflada». Propongo llamar a este esquema «esquema de *yuxtaposición*» y valorarlo metateóricamente en su justa medida. Si biólogos como Dobzhansky (1970), Ayala y otros (1977), etc. *parecen* no tener reparos en mezclar segmentos de ADN en el curso de investigaciones sobre genes y en las discusiones esencialmente biológicas, no es tanto porque consideren idénticos los conceptos moleculares y los biológicos, cuanto porque les resulta empíricamente ventajoso trabajar con ambos sin plantearse engorrosos problemas epistemológicos: «Hay que distinguir entre los instrumentos y las preguntas o hipótesis» nos decía hace poco Ayala (1983) para justificar esta yuxtaposición. Pero la misión del epistemólogo me parece que no reside en recriminar al científico su ingenuidad gnoseológica cuanto en analizar sus prácticas habituales. Tal vez el esquema de yuxtaposición resulte ser una mera *apariencia* que recubre una práctica más compleja y que se origina cuando se postula *a priori* que la relación inter-teórica *debe ser diádica*, y los únicos elementos interesantes gnoseológicamente en la ciencia, las teorías. En el caso de la biología molecular ensayaré un esquema de relación *poliádico de confluencia* (genética y estructural a un tiempo), en el que se articulan no sólo teorías, ni sólo aplicaciones con sus correspondientes condiciones de ligadura (o «reglas de correspondencia»), sino también aparatos, técnicas y otras *configuraciones*, cuyo resultado es un conjunto de elementos heterogéneos entre los que destaca un «teorema» o «célula gnoseológica», que tiene implicaciones relevantes para el marco teórico completo de las ciencias biológicas. No creo que esta formulación intuitiva gane mucho si la formalizo en términos conjuntistas así:  $T_i \cap A_j \cap R_n \cap \dots \cap C_{hh} \neq \emptyset, \nexists e \in E \ \& \ E \subset MTCB$ .

En cambio, confío en que las declaraciones y críticas del texto ayuden a entender mi argumentación.

<sup>4</sup> Bunge (1983) aclara sus diferencias con Kuhn, cuando niega la existencia de dos tipos de periodos en la historia de la ciencia: «la investigación normal y la extraordinaria se dan al mismo tiempo». La investigación extraordinaria, a su vez, puede dar lugar a un avance decisivo (*breakthrough*) o a una revolución epistémica. La genética molecular es un *breakthrough*, que supone el marco conceptual previo de la genética clásica. Aunque coincidamos en considerar la biología molecular como un avance decisivo esta recategorización puramente formal y denotativa no resuelve los problemas que estamos debatiendo. Por lo demás, Bunge muestra una radical intolerancia hacia las ideas de Kuhn. Lo curioso de la cita del texto es que coincide en el diagnóstico con los demás semánticos aliados de Kuhn, en contra precisamente de las apreciaciones sociológicas de Mullins. Hay en Kuhn una *ambigüedad esencial*.

revolucionarios, ni rupturistas. De hecho, habría que admitir que toda ciencia se ve continuamente convulsionada por micro-revoluciones de esta índole<sup>5</sup>. Tan revolucionaria puede considerarse la doble hélice como la estructura en hélice-a propuesta por Pauling y Corey en 1950 para las a-queratinas, que en cierto sentido parecen pertenecer al mismo tipo de soluciones estandarizadas, máxime si tenemos en cuenta la obvia conexión que Watson admite entre ambos descubrimientos. En suma, los nuevos conceptos de Kuhn parecen tan incapaces de explicar la génesis de una nueva ciencia o especialidad académica, como su antiguo concepto de paradigma<sup>6</sup>. Pero antes de proponer un esquema alternativo, exploremos la vigorosa interpretación de Mullins.

## 2. El grupo «fago» y la polémica sobre los orígenes de la biología molecular.

Es tan grande la evidencia sociológica a favor de que ha nacido una nueva disciplina (creación de cátedras y departamentos, fundación de revistas especializadas, celebración de Congresos, confección de manuales, etc.) en torno al descubrimiento de la estructura del ADN que esta premisa empírica puramente institucional parece exigir una justificación metateórica. Mullins, que así lo constata, se acoge al exitoso expediente de Kuhn. Pero percibe inmediatamente que no puede atribuir carácter revolucionario a un descubrimiento como el Watson y Crick, toda vez que, apenas conseguido, es publicado en *Nature* con la recomendación de Sir Lawrence Bragg, los plácemes de sus jefes inmediatos en el *Cavendish* (Max Perutz y John Kendrew) y el apoyo adicional del grupo de investigadores del *King's College* de Londres (Maurice Wilkins y Rosalind Franklin), cuyas fotografías obtenidas con las técnicas de difracción por rayos X aportaron la evidencia empírica necesaria. Tan rápida aceptación obliga a Mullins a reconstruir la génesis del supuesto paradigma triunfante para el que el descubrimiento de la estructura helicoidal del ADN suponía sólo el espaldarazo confirmatorio. Hacía falta encontrar un período revolucionario previo con cambios de envergadura, disidencias respecto a los patrones tradicionales de investigación y novedades de enfoque.

Esquemáticamente Mullins distingue 4 períodos sucesivos, en los que trata de descubrir características intelectuales y sociales específicas:

(a) Entre 1935 y 1945 se habría producido, según Mullins, *la definición del nuevo paradigma* a través de la creación de un grupo de trabajo centrado en torno a la figura de Max Delbrück, un físico proclive a la biología cuantitativa, quien en 1935 había escrito en colaboración con los biólogos Timofieff y Zimmer un artículo interdisciplinar sobre la estructura y mutación de los genes. Después de emigrar en 1937 al *CalTech* de California, este alemán antirreduccionista y negativamente predispuesto hacia la bioquímica, que juzgaba inútil, se pone en

<sup>5</sup> Para una crítica del concepto de «microrrevolución» vide Toulmin (1970, 1972), quien reconduce su significado como «unidades de innovación científica» a un marco evolucionista.

<sup>6</sup> También aquí la afirmación del texto tiene sentido polémico. No prejuzga que la biología molecular constituya la génesis de una nueva ciencia o disciplina académica. Pero los kuhnianos que así lo mantienen, como Mullins, no lograrán mucha más ayuda en los segundos pensamientos de Kuhn que en los primeros.

contacto con el bacteriólogo de origen italiano Salvador Luria para crear un grupo de investigación disperso y sin existencia oficial dedicado a estudiar bacteriófagos.

Aunque hombres como Anderson, Lwoff, Adams, Hershey, Doermann, Monod y otros formaron parte del grupo inicial carecían de orientaciones metodológicas unitarias e, incluso, diferían respecto a sus creencias epistemológicas. Pero lograron una coordinación parcial cuando un grupo de ellos decidió en 1944 concentrar sus esfuerzos en un solo grupo de fagos (la serie T) y en una sola bacteria (la *Escherichia coli*).

(b) Según Mullins entre 1945 y 1953 se habría producido una fuerte red de comunicaciones (*network*), cuya cristalización sociológica en las escuelas de verano de *Cold Spring Harbor* es analizada minuciosamente, tanto por lo que respecta a los asistentes y reclutas (Watson, Delbucco, Evans, Weigle, etc.) como a la formación de núcleos de investigación conectados con la red en diversos países (v.g. el Instituto Pasteur con André Lwoff, Elie Wollman, Francois Jacob, etc., o el Instituto de Física en Ginebra de Kellenberger). Desde el punto de vista intelectual se prima la investigación de las funciones genéticas, se afinan los procedimientos experimentales y se obtienen resultados espectaculares, que incrementan la solidaridad del grupos. En particular, Alfred D. Hershey y Martha Chase demuestran en 1952 que no es el envoltorio proteico del bacteriófago T<sub>2</sub>, sino su ADN quien tiene funciones genéticas y reproductivas; al año siguiente Watson, el «niño prodigio» del grupo, sugiere que el ADN se dispone estructuralmente en una doble hélice, en la que la purina de una cadena está ligada a la pirimidina de la cadena gemela.

c) A partir de 1954 la solidaridad del grupo se fortalece, formando una especie de «capilla» cerrada, que Mullins denomina *cluster*. Estadísticamente este enjambre consta de 111 miembros, de los que 15 constituyen un núcleo fijo con una permanencia superior a 10 años, mientras en la periferia se localizan 59 colaboradores ocasionales que sólo aportan una comunicación puntual. Esta fluida estructura favorece una fuerte actividad, sociológicamente centralizada por el servicio de información *Phage*, que filtra la información pertinente. Decece el reclutamiento, pero se incrementa el grado de conciencia colectiva acerca de la especificidad de sus investigaciones y del estilo peculiar del grupo. La formulación del *dogma central* en 1956 por parte de Crick de que la información genética transita en la dirección ADN-ARN-Proteína, y nunca en el sentido inverso, centró las investigaciones del grupo tendentes a precisarlo y confirmarlo. Según Mullins, esta fase dogmática es la más fecunda en contribuciones precisas y culmina en 1962.

d) Cuando en 1962 John Kendrew y Max Perutz reciben el Premio Nobel de química, al tiempo que Watson, Crick y Wilkins son laureados con el de Fisiología y Medicina, se inicia, según Mullins, el período «académico»: la biología molecular se convierte en una especialidad reconocida, organizada e institucionalizada. El éxito obtenido cierra el ciclo del grupo fago, cuya imagen distintiva se disuelve definitivamente en 1966 tras el



galardón concedido al núcleo del Instituto Pasteur. Constituido el paradigma triunfante sólo queda el trabajo rutinario, el lento encaje de las piezas del *puzzle*, cuyas líneas maestras habían sido trazadas por Delbruck mucho antes.

No cabe duda de que la reconstrucción de Mullins es ingeniosa, pero sumamente objetable tanto por razones generales como por cuestiones de detalle. Aunque pueda valorarse positivamente en tanto que ejercicio empírico de localización de una línea de investigación<sup>7</sup>, esta justificación de los orígenes de la biología molecular resulta *históricamente arbitraria, analíticamente confusa y filosóficamente insuficiente* (amén de metacientíficamente irrelevante).

Es *históricamente arbitraria* porque la misma historia puede contarse y ha sido contada de manera distinta, con personajes y orientaciones diferentes, de modo que el grupo fago no sólo pierde protagonismo, sino que deja de ser interesante por sí mismo. El cristalógrafo e historiador social de la ciencia John D. Bernal (1964), por ejemplo, atribuye a W. T. Astbury el origen de la biología molecular, quien en 1932 había iniciado el estudio estructural de los ácidos nucleicos mostrando que los cuatro nucleóticos A, G, C, T (U en el RNA) se apilan como monedas en ángulos rectos al eje de la hebra. Por añadidura, Astbury habría recibido el primer reconocimiento oficial al ser designado profesor de Estructura Biomolecular en 1945, detalle nada deleznable sociológicamente. Desde esta perspectiva estructuralista, los protagonistas son cristalógrafos y químicos antes que físico y bacteriólogos; y más que los acuerdos tácitos o explícitos de un grupo interesa historiar los descubrimientos y técnicas que hicieron posible dilucidar la estructura de los ácidos nucleicos. Entre las técnicas destaca Bernal la «ultracentrifugadora» (10.000 r. p. seg.) diseñada por el químico sueco Theodor Svedberg en la década de los veinte, por cuanto sirvió para determinar los pesos moleculares de una serie de proteínas a partir de la velocidad de sedimentación de sus componentes; los análisis espectrográficos por difracción de rayos X ejecutados por Kendrew desde 1946 sobre proteínas cristalizadas; y los análisis cromatográficos sobre el papel desarrollados por Archer Martin y Richard Synge a partir de 1941.

La hipótesis química de Emil Fischer sobre las cadenas de aminoácidos que constituyen las proteínas se engarza ahora sin solución de continuidad con los trabajos de Frederick Sanger sobre el orden de los aminoácidos de 1946 y 1952, así como con el análisis químico de Erwin Chargaff, «uno de los padres de la criatura», cuyas reglas sobre la equilibración del número de purinas y pirimidinas ( $A = T$ ;  $G = C$ ) constituyen el precedente inmediato de la hipótesis de Watson-Crick.

Pero no se trata sólo de contraponer polémicamente estas dos versiones sobre los orígenes de la biología molecular. La ceremonia de la confusión continua y en ella han oficiado, entre otros, el propio Chargaff (1971), Mirsky (1968), Asimov (1969), Wyatt (1972), Thuillier (1972), Hess (1970), etc. Chargaff y Mirsky, por ejemplo,

---

<sup>7</sup> En el sentido de Bunge (1982).

coinciden en subrayar el papel de hilo conductor que las hipótesis e investigaciones en torno a las funciones genéticas del ADN tienen para la constitución de la disciplina denominada «genética molecular». Desde los descubrimientos de Miescher en el siglo XIX hasta los dogmas de Francis Crick en 1956 una misma línea de trabajo tendente a desvelar «el secreto de la vida» pondría en conexión la obra de químicos y bioquímicos como Albrecht Kossel, Phoebus Levene, Alexander Todd, Robert Feulgen, Torbjörn Caspersson, el propio Alfred Mirsky, Oswald Avery, Severo Ochoa, etc. El enciclopédico divulgador Isaac Asimov, que lo abarca todo, adopta, por su parte, una visión «acumulativista» similar cuando ubica *lógicamente* la exposición de los ácidos nucleicos dentro del capítulo sobre la célula justo tras el estudio que dedica a la investigación sobre los cromosomas y los genes<sup>8</sup>. En cambio Wyatt interesado también en destacar el valor de la biología molecular para la reproducción genética, pero no menos inclinado a observar los fenómenos sociológicos de transmisión y disseminación científica, coloca el «cambio decisivo de paradigma» en 1944, fecha en que Avery y sus colaboradores (Colin MacLeod y Maclyn McCarty) publican su trabajo sobre neumococos demostrando que la transmisión de caracteres hereditarios se efectúa a través del ADN. Ignorado por los genéticos y ante la ceguera de los bacteriólogos como Luria, el descubrimiento de Avery sólo cobrará carta de naturaleza e importancia en 1956 simultáneamente a la admisión del dogma central de la biología molecular.

No dispongo de espacio para análisis comparativos más extensos. Pero parece claro que a las distintas versiones históricas esbozadas subyacen diferentes concepciones sobre la ciencia y su historia. Con todo, mi argumento para tildar de *históricamente arbitraria* la reconstrucción de Mullins se basa no sólo en que ha sido contestada por historiadores «materialistas» como Bernal que colocan consecuentemente las innovaciones teóricas (superestructurales) al amparo de innovaciones tecnológicas (estructurales) previas, o por historiadores «acumulativistas» como Asimov (y eventualmente Chargaff y Mirsky), para quienes no existen problemas gnoseológicos de demarcación, bien sea porque la ciencia es una, bien sea porque no les importa tanto la existencia de fronteras administrativas cuanto la presencia de problemas o enigmas científicos a resolver. La arbitrariedad reside, sobre todo, en el hecho de que los propios «rupturistas» como Wyatt, que hipotéticamente debieran mantener una concepción sociológica similar sobre los orígenes de una disciplina científica, no aceptan la versión de Mullins y Stent. El argumento abunda, por lo demás, en la laxitud epistemológica de los esquemas de Kuhn, incluso para dar cuenta de la historia de la ciencia.

Quizá no debiera extrañar la polémica en torno a los orígenes de la biología molecular —siempre hubo disputas de prioridad en la ciencia—, sino que se suscite justo en el momento en que se produce su consagración definitiva. He aquí un tema sustantivo para los sociólogos de la ciencia como Mullins, quien más que intervenir militantemente en la polémica debiera haber intentado determinar las conexiones institucionales subyacentes en

<sup>8</sup> No es irrelevante recordar las repetidas confesiones tanto de Watson (1968) como de Crick en el sentido de que su interés por el ADN estaba alimentado por el deseo de descubrir qué eran y cómo actuaban los genes, i. e., por descubrir «el secreto de la vida».

cada una de las reconstrucciones históricas, obviamente interesadas<sup>9</sup>. Lo que sí resulta epistemológicamente sorprendente es la unanimidad con que se acoge la hipótesis de Watson-Crick y la rapidez con que prende en la comunidad de biólogos (en especial los bioquímicos), pese al papel marginal y la peculiar personalidad de sus autores en la misma. ¿No está pesando más la verdad y fecundidad de la hipótesis, captada inmediatamente por los especialistas, que los merecimientos académicos de sus autores o que su adscripción a una determinada escuela a línea? La profundidad, coherencia, elegancia, sencillez, evidencia, fecundidad y corrección que diversos autores atribuyen al modelo de replicación genética no se explica recurriendo a su génesis histórica, sociológica o psicológica, porque son valores que trascienden esas categorías externas. Creo que la pregunta gnoseológicamente relevante, que la reconstrucción que Mullins es incapaz de responder en términos kuhnianos, concierne al estatuto de las hipótesis de Watson-Crick puedan tener dentro del campo de las ciencias biológicas.

Por lo demás, estas consideraciones obscurecen por sí solas la supuesta claridad analítica de la reconstrucción de Mullins. La *confusión* de Mullins reside en que no explica la constitución de la «biología molecular» como paradigma o disciplina autónoma, sino a lo sumo la disolución de un grupo de trabajo en el seno de una ciencia ya institucionalizada: la bioquímica. En particular, no rinde cuentas sobre cuál sea el campo de la biología molecular y es incapaz de explicar la dualidad teórica que aún hoy parece subsistir en su seno, como sagazmente acierta a formular el propio Kendrew (1967,1970): «los biólogos moleculares no tienen entre ellos mismos unanimidad sobre la naturaleza del tema». Como se sabe, en la biología molecular confluyen dos tendencias o escuelas, cuyos intereses divergentes parecen desgajarla internamente: la tendencia *estructuralista*, interesada por el aspecto geométrico tridimensional de la doble hélice del ADN y propensa a disolver los estudios sobre la configuración estereométrica de las moléculas biológicas en la rama clásica de la bioquímica que se ocupa de ellas desde una perspectiva reduccionista; y la tendencia *informativista* que atiende a los aspectos topológicos y al papel de los pares de bases azoadas en el mecanismo genético de la replicación desde una perspectiva unidimensional, pues para entender cómo se almacena y se trasmite la información basta determinar la ordenación de las secuencias. De nuevo, el problema gnoseológico parece residir en comprender la naturaleza de esa confluencia. La definición *ad hoc* (Asimov, 1972) de la biología molecular como el campo en que confluyen dos ciencias anteriores (la bioquímica, entendida como el estudio de las reacciones químicas que tienen lugar en el tejido vivo, y la biofísica, reducida al estudio de las fuerzas y fenómenos físicos implicados en los procesos vivos) no resuelve el problema. En realidad, la literatura molecular oferta más de una docena de definiciones alternativas y a nadie se le oculta que los biólogos manejan el concepto de información de manera muy diferente a como lo manejan los físicos. Como ha señalado Jacob (1970), aunque la biología ha demostrado que no existe ninguna entidad metafísica que se esconda detrás de la palabra «vida», no puede reducirse a física a causa de su carácter integrador (el *integron*) y organizado.

---

<sup>9</sup> Una de las mayores ambigüedades que han contribuido a desprestigiar los conceptos metacientíficos de Kuhn es el curioso fenómeno de explotación ideológica de que han sido objeto. Con mucha frecuencia «paradigma» y «revolución» se utilizan en un sentido apologetico y justificatorio, más que en un sentido analítico y crítico.

Por último, no haría falta insistir en que la reconstrucción de Mullins es filosóficamente insuficiente (además de gnoseológicamente irrelevante, como hemos mostrado reiteradamente), sino fuese por el carácter paradójico que atribuye al papel desempeñado por Delbrück. Resulta que «el alma del grupo fago» mantiene una posición semi-vitalista que los resultados bioquímicos del grupo vienen a desconfirmar palmariamente. Thuillier (1972), quien ha analizado este extremo con cierto detalle, termina resolviendo la paradoja providencialmente en base a que «la ciencia escribe derecho, pero con renglones torcidos». Tal solución, filosóficamente insatisfactoria, no repara en el «insignificante» detalle de que Watson era discípulo de Luria y fue orientado por éste hacia la bioquímica cuando le envía a Copenhague a estudiar con Hermán Kalckar. Lo mínimo que cabe exigir a un «paradigma emergente» es una cierta coherencia interna entre sus cabezas de serie por lo que se refiere a los supuestos filosóficos últimos y orientaciones metodológicas básicas.

### 3. Un esquema alternativo desde «el cierre categorial».

En la teoría del cierre categorial de Gustavo Bueno (1976) se han elaborado algunos conceptos que me parece pueden rendir cuenta de la situación creada por la llamada biología molecular. Los conceptos clave que voy a usar son los de «contexto determinante», «teorema» o «célula gnoseológica» y «proceso de confluencia». Me consta que en la elaboración de estas nociones, G. Bueno no estaba interesado en problemas biológicos, ni mucho menos de biología molecular, sino trabajando con problemas gnoseológicos de geometría y física.

Pues bien, la hipótesis de trabajo que mantengo (y que en los límites de esta comunicación no puedo defender en profundidad) es que *el descubrimiento de la estructura helicoidal del ADN es un «teorema» (o «célula gnoseológica») de carácter modulante, cuyo contexto determinado se mantiene dentro de los márgenes de la bioquímica, aun cuando el proceso de confluencia que lo genera y posibilita desborda histórica y gnoseológicamente este marco, pues implica desarrollos teóricos y tecnológicos en otras ciencias, cuya incidencia en el campo de las ciencias biológicas, aunque espectacular, es sólo oblicua*<sup>10</sup>

Esta tesis es sólo una consideración parcial del «hito revolucionario» que convulsionó este campo de investigación. Pero teóricamente la hipótesis del *operon* de Jacob-Monod, el descifrado del código genético (Crick, Nirenberg, Ochoa) y otros muchos desarrollos que ni siquiera se mencionan en este breve texto polémico tienen tanta o más importancia. El significado de la tesis tan condensadamente formulada sólo puede entenderse en el marco de la teoría del cierre categorial, pues presupone toda su gnoseología general sintética. No obstante, quizá

<sup>10</sup> Al tratarse de una comunicación a un Congreso se condensaba en este párrafo una interpretación que se prometía explicar en un artículo posterior más amplio que nunca apareció. Se decía allí que «Próximamente aparecerá en *El Basilisco* una argumentación más completa sobre el estatuto gnoseológico de la Biología molecular». En su defecto, no obstante, explicaba en una larga nota «la tesis formulada en el texto», que en esta ocasión merece ser trasladada literalmente al texto principal. La hipótesis de la doble hélice es sólo una consideración parcial del «hito revolucionario» que convulsionó este campo de investigación. Pero teóricamente la hipótesis del *operon* de Jacob-Monod, el descifrado del código genético (Crick, Nirenberg, Ochoa) y otros muchos desarrollos que ni siquiera se mencionan en este breve texto polémico tienen tanta o más importancia. El significado de la tesis que formulo en cursivas en el texto condensadamente sólo puede entenderse en el marco de la *teoría del cierre categorial*, pues presupone toda la gnoseología general sintética.

ayude a su comprensión una breve exégesis de sus tres aserciones fundamentales:

(a) Que el descubrimiento de la estructura helicoidal del ADN es un teorema *modulante de las ciencias biológicas* significa desde la perspectiva del cierre categorial que nos hallamos ante un fragmento unitario, complejo e internamente consistente de ciencia, susceptible de conectarse con cuerpos de conocimiento cerrados más amplios, pero cuya estructura gnoseológica reproduce ella misma a escala elemental un cierre operatorio. La teoría del cierre categorial acepta definir una ciencia como «un conjunto o sistema de teoremas», pero siempre que se corrijan inmediatamente las connotaciones formalistas o hipotético-deductivas que el término lleva aparejado en la literatura metacientífica estándar. Un teorema no es principalmente una consecuencia o conclusión derivada formalmente de algún conjunto de axiomas primitivos, aun cuando esta componente proposicionalista, abstracta, *lógico-formal* desempeñe en ocasiones un papel preponderante (señaladamente en las llamadas ciencias formales). En su sentido gnoseológico o *lógico-material* un teorema es una «configuración» compleja que se *construye* (no se deduce simplemente) a partir de un conjunto de figuras más elementales o lineales que se sintetizan formando una pieza autónoma. Todo teorema es el resultado de un *proceso de confluencia* material y específico, en el que está implicado un *contexto determinante* (cfer. *infra*) por respecto al cual se constituye como *contexto determinado*. En este sentido decir que «una ciencia es un conjunto de teoremas no significa que sea un discurso de deducciones en cascada, sino una confluencia de remolinos que se interfieren, pero que mantienen su autonomía formal» (Bueno, 1976). Los teoremas son ciencia ya organizada y su enorme grado de complejidad aconsejaría quizá utilizar otra terminología metafórica menos ligada a las ciencias formales. G. Bueno (*ib.*) propone denominarlos «células gnoseológicas», pero esta metáfora auto-referente quizá pueda resultar gödelianamente paradójica en este contexto. En todo caso, el rasgo más característico de los teoremas consistente en que necesariamente incorporan *modi sciendi* (definiciones, clasificaciones, demostraciones y modelos) en proporciones variables, variabilidad que sirve de criterio distintivo para una tipología. Entre los teoremas materiales destacan dos tipos: los *clasificatorios* (v. g. el teorema de los poliedros regulares) y los *modulantes* (v. g. teorema de la gravitación de Newton). Estos últimos se caracterizan porque su contenido fundamental consiste en un modelo exportable homológicamente a otras «células» del mismo organismo categorial, vale decir, a otros sistemas del mismo sistema científico.

Creo que estas, aunque prolijas, necesarias puntualizaciones permiten aclarar de modo intuitivo el sentido de nuestra tesis. El teorema de la doble hélice reformula a nivel molecular el principio de la continuidad genética de la materia viva (de ahí sus importantes implicaciones biológicas) y reconstruye empíricamente el principio fisiológico de la correlación estricta entre estructura y función. Pero no es una mera consecuencia deductiva de tales principios, porque, aunque es lógicamente congruente con ellos, los desarrolla de forma novedosa y consistente. Baste recordar para aclarar este extremo la discusión genética suscitada en la prueba del teorema sobre los posibles mecanismos de duplicación de ADN compatibles lógicamente con el principio de continuidad: el *conservativo*, el *semiconservativo* y el *dispersivo* (Lehninger, 1981; Lwoff, 1962; etc.). El razonamiento que conduce a declarar probada la replicación *semiconservadora* postulada por Watson y Crick (1953b) de las dos hebras complementarias

de ADN no se agota en la mera deducción formal de posibilidades lógicas, que constituye un primer tramo completamente esencial y gnoseológicamente ininteligible desde la metodología científica estándar. El peso de la demostración reposa ciertamente en el tramo empírico aportado por los experimentos de Cyrus Levinthal en 1956 sobre bacteriófagos y, más concluyentemente aún, por la serie de resultados obtenidos al año siguiente por Meselson y Stahl sobre cepas de *E. coli* marcadas con nitrógeno «pesado». Pero quienes interpretan estos desarrollos como un «experimento crucial» para una hipótesis más o menos audaz olvidan, entre otras cosas, el tramo deductivo del argumento que otorga sentido gnoseológico a las alternativas y simplifican arbitrariamente la cuestión. Es cierto que a veces se categoriza *pragmáticamente* el teorema de la doble hélice como la «hipótesis» de Watson-Crick, pero no menos frecuentemente se habla del «modelo» helicoidal, de la «ley» de la replicación, de la «explicación» o del «descubrimiento». El concepto de «teorema» antes explicado permite aclarar este galimatías terminológico gracias a su complejidad tridimensional. Una reubicación exacta de los múltiples componentes que la compleja construcción de Watson-Crick conlleva excedería obviamente las dimensiones de este trabajo. Por eso voy a limitarme a esbozar por qué considero *modulante* al teorema Watson-Crick, en el supuesto de que lo sea. Me parece que los componentes *modélicos* son decisivos en este teorema, no sólo porque sobre su plantilla se han confeccionado las explicaciones más convincentes sobre la estructura nuclear a las procariotas, así como las referidas a los genomas de las eucariotas. Por añadidura, la estructura helicoidal ha permitido descifrar el código genético, su transcripción en el ARN mensajero y la traducción biosintética en los ribosomas; en particular, los codones de los ARNt se asocian sucesiva y antiparalelamente con la cinta del ARNm de acuerdo con el modelo purina-pirimidina del ADN para generar toda clase de proteínas. Los parámetros estructurales de muchos de los mecanismos bioquímicos implicados en la actividad celular obedecen al mismo modelo de enlaces covalentes fosfodiéster 3'-5' postulados por Watson y Crick (1953a) para explicar la estabilidad de cada una de las hebras o al de los débiles puentes intercatenarios de hidrógeno utilizados para explicar su flexibilidad duplicativa. Asociaciones hidrofóbicas y enlaces de hidrógeno no covalentes constituyen también el modelo básico para explicar la morfogénesis tridimensional de la mayoría de las grandes bioestructuras, macro y supramoleculares. Por si fuera poco, ha proporcionado, en palabras de Monod (1970) «una teoría *física* de la herencia» que dota de significado y certidumbre a la teoría de la evolución selectiva, cuya validez hasta entonces era puramente *fenomenológica*, no *esencial*. A través de esta simbiosis ha comenzado a señorear todas las ramas de la biología. Aunque «la teoría del código genético» es más amplia que el teorema que estamos considerando, no parece exagerado afirmar que si aquella constituye «la base fundamental de la biología» éste aparece como el modelo más exportado a todas las ramas de esta ciencia. No cabe duda de que el problema crucial de la biología moderna consiste en explicar el tránsito de la materia inorgánica a la materia viva. Pues bien, la hipótesis génica sobre el origen de la vida enunciada por H. Muller en 1929 sin demasiado éxito, ha encontrado en este teorema el modelo preciso que permite su revitalización, hasta el punto de constituir la alternativa teórica más fuerte a las hipótesis proteicas de Oparin (coacervatos) y Fox (microesferas protenoides). Si la doble hélice es un teorema como pienso, la exportación masiva de sus modelos constituyentes hace inevitable su adscripción a la clase de los teoremas modulantes<sup>11</sup>.

<sup>11</sup> El propio *Proyecto del Genoma Humano*, que estaba analizando Pablo Infesta, puede considerarse en cuanto a su objetivo de descifrar la

(b) Que el *contexto determinado* de este teorema consiste en una organización de elementos analíticamente servidos por la bioquímica es, quizá, la afirmación más audaz que contiene nuestra tesis desde nla perspectiva del cierre categorial. Remite a la sutil y central cuestión de la relación (dialéctica) entre *contextos determinantes* y *contextos determinados*, que juega un papel decisivo tanto para la demarcación de la ciencia respecto a otros procesos operatorios constructivos no científicos, como, sobre todo, para la determinación de los principios de las ciencias como métodos internos de su cierre categorial. Según G. Bueno (1976) toda ciencia se nos presenta *in medias res* como campos empíricos organizados *sintéticamente* en formaciones y figuras características. Así, por ejemplo, el campo de la biología, antes del advenimiento de la biología molecular, se nos ofrece sintéticamente como un conjunto de formaciones heterogéneas, pero mutuamente relacionadas de diversas formas, en particular por las relaciones postuladas en la teoría de la evolución: especies, organismos, sistemas funcionales, células, mitocondrias, genomas, genes, etc. Estas clases heterogéneas de figuras que mantienen entre sí regularidades en proporciones más o menos definidas constituyen *grosso modo* el *contexto determinante* de una ciencia globalmente considerada, en la medida en que son el punto de arranque sintético de toda investigación. Por supuesto, una línea de investigación concreta selecciona algunas de estas clases como *contexto determinante* específico. En cualquier caso, ¿cuál es entonces el *contexto determinado*? El que resulta del análisis regresivo de esas figuras sintéticas en sus constituyentes. El *contexto determinado* define un campo operatorio abstracto, cuya estructura analítica filtra o segrega aquellos términos, relaciones y operaciones características con las cuales resulta posible reconstruir esencialmente las figuras de partida. No se vea en esta grosera simplificación una mera descripción alambicada de los procesos inversos de análisis y síntesis estándar. El *quid* diferencial reside en que cuando se toma la estructura analítica del *contexto determinado* como punto de arranque, convirtiéndolo así en *determinante*, la cosa no funciona y las figuras básicas aparecen como «gratuitas», porque a partir del campo abstracto en que se resuelven necesariamente no se llega a reconstruirlas sin ciertas claves que reconduzcan la construcción ¿Qué claves están presentes en los *contextos determinantes* para que filtradas analíticamente se reproduzcan o reconstruyan como contextos determinados? No se trata de una clave metafísica, ni psicológica, sino estrictamente gnoseológica: consiste en los *principios de identidad* que están presentes objetivamente en las figuras básicas de partida y que, aunque en el análisis quedan al descubierto, poseen una irrenunciable estructura sintética<sup>12</sup>.

Pero veamos ya cómo se aplica este entramado conceptual, cuyas ramificaciones principales ni siquiera han sido sugeridas, al caso que nos ocupa. Me parece que el *contexto determinante* específico de la doble hélice viene dado por las preocupaciones genéticas de sus autores y en este sentido no es casual que la biología molecular haya encontrado su campo específico de aplicación en la genética. Muchos prefieren hablar de «genética molecular» simplemente y antes (notas 2 y 3) hemos discutido el significado de la fórmula usual que atribuye a la biología molecular el logro de haber integrado la bioquímica con la genética. La pregunta por la «naturaleza de los

---

secuenciación como la mejor demostración del carácter modulante del teorema que se defiende en este texto

<sup>12</sup> En este punto se hacía un inciso del que puede prescindirse aquí : « Creo que el actual callejón sin salida en que parecen hallarse las investigaciones bioquímicas sobre el origen de la vida, que han provocado el espectacular éxito de la hipótesis de la *panspermia* remozada por Fred Hoyle como «vía de escape» aceptada por el propio Crick, ilustra claramente, como veremos, la situación gnoseológica descrita.»

genes» que guiaba al joven Watson le conduce en compañía de Crick, convencido tempranamente por Schrodinger «de que los genes eran los componentes clave de las células vivas», hacia la bioquímica, materia que el primero no dominaba en absoluto incluso después de la formulación del teorema, si hemos de hacer caso al testimonio de Chargaff y al suyo propio. ¿Cuál es la clave entonces que les conduce tan certeramente a filtrar analíticamente los términos, relaciones y operaciones básicas que precisan para su reconstrucción del material genético? Naturalmente este proceso operatorio de los sujetos gnoseológicos, tal como contempla y predice la teoría del cierre categorial, ha quedado eliminado, borrado en la construcción científica misma del *contexto determinado*. En efecto, un análisis detallado del artículo en los que se expone el teorema de Watson-Crick (1953a y b) pone de manifiesto que los términos utilizados en la construcción (ácidos fosfóricos, bases nitrogenadas, azúcares pentosa, etc.), las relaciones postuladas (leyes estereoquímicas de enlace, reglas de Chargaff, etc.) y las operaciones (ángulos de rotación de las bases, neutralización de los grupos fosfato con carga negativa por iones de carga positiva como argumento contra el modelo tricatenario de Pauling, etc.) forman parte de la estructura analítica servida abstractamente por la bioquímica. En cambio, el modelo mismo de la doble hélice, aun cuando formalmente halle un precedente inmediato en las  $\alpha$ -queratinas, actúa como una especie de «esquema sintético a priori» que guía la búsqueda y selección de los elementos analíticos pertinentes. La estructura helicoidal que en el *ordo doctrinae* aparece como resultado, en el *ordo inventionis* está dado necesariamente de antemano y ha sido generado en parte al margen del campo operatorio abstracto del *contexto determinado*. Recuérdese a este respecto que la idea germinal de Watson (1968), que a la sazón había confeccionado una hipótesis genética sobre el emparejamiento y reproducción de las bacterias, consistió en una estructura bicatenaria con *idénticas* secuencias de bases, unidas internamente por enlaces de hidrógeno entre pares de bases *idénticas*. Lo más sugestivo de esta hipótesis *errónea* —error ontológico imperdonable para un bioquímico, pues indica un desconocimiento de la estructura analítica y de sus posibilidades operatorias casi absoluto, pero error genéticamente disculpable y fenomenológicamente necesario en la propia construcción científica—reside en que anticipa *todas* las profundas implicaciones biológicas que más tarde emergerán de la formulación correcta: en particular, el mecanismo de multiplicación de los genes por separación de las dos cadenas idénticas y el de biosíntesis. pues a partir de una cadena que sirve de plantilla se induce fácilmente la producción de una cadena idéntica. Desde la teoría del cierre categorial este desarrollo previo no es ni un producto del azar, ni una mera contingencia histórica, sino la irreprimible manifestación del molde genético que preside la construcción y filtra los elementos pertinentes. (Entre el contexto de justificación y el contexto de descubrimiento no existe el abismo intransitable que la gnoseología analítica postula). Este molde, trasunto del principio de continuidad genética (*omnis célula ex célula*), postula significativamente una identidad absoluta (toda cadena procede de una cadena secuencialmente idéntica de ADN) en el material que supuestamente debe ser el núcleo esencial de la vida. No se comprende el verdadero significado de ese error más que si se ve en el juego entre el *contexto determinante*, que guía la investigación, y el *contexto determinado*, cuando aquél ejecuta un filtrado erróneo de componentes analíticos que éste se encarga de falsar. Pero no se trata de una falsación en sentido popperiano. sino de un ensayo mediante el cual el contexto determinante, al tiempo que impone sus condiciones paramétricas, filtra elementos analíticos pertinentes: los enlaces de hidrógeno. Quizá la falta de *contexto*



*determinante* genético, más que la carencia de diagramas adecuados de rayos X expliquen también el rotundo fracaso de Pauling y el bloqueo de Rosalind Franklin. En todo caso, no cabe duda de la relevancia gnoseológica de la clave genética para la formulación correcta del teorema.

No obstante, nuestra interpretación plantea una paradoja desde el punto de vista de la teoría del cierre categorial. No resuelve el problema del carácter categorial] o no, autónomo o heterónimo de la bioquímica. En resumen, pueden ocurrir dos cosas: *o bien* el principio determinante se identifica categorialmente con el contexto determinado y entonces la bioquímica aparece como una disciplina biológica *tout court*, o bien *no* se identifica y entonces la bioquímica es externa a la biología y sus construcciones adquieren respecto a ésta un cariz tecnológico e ingenieril. La imposibilidad de reconstruir materia viva a partir del campo abstracto tendría en cada caso un significado gnoseológico diferente.

(c) Por último, que el *proceso de confluencia* que genera y posibilita la formulación del teorema de la doble hélice implica desarrollos teóricos y tecnológicos en otras ciencias que desbordan al ámbito de interacción entre contexto determinante y determinado, ha sido intuitivamente reconocido por muchos autores, al margen de su propia posición epistemológica al respecto. Mencionaré dos casos paradigmáticos claramente contrapuestos: André Lwoff (1962) y Albert Lehninger (1981). Por efecto de esta confluencia el primero postula la emergencia de un nuevo campo científico anclado en la biología fundamental, mientras el segundo augura un inusitado desarrollo de la bioquímica. La diferencia estriba en la selección *ad hoc* de las disciplinas confluyentes. Aunque desde el punto de vista del cierre categorial interesan los procesos de confluencia en cuanto remiten a la construcción de *identidades sintéticas*, a los efectos de esta nota bastará citar argumentos de autoridad sin entrar en el proceso constructivo mismo.

Lwoff argumenta biológicamente: «La identificación química del material genético, por Avery, MacLeod y McCarthy, ha sido *el gran descubrimiento de la biología moderna*. Pronto le siguió otro gran descubrimiento, el de la estructura molecular del ácido desoxirribonucleico, la doble hélice de Watson-Crick. Ambos descubrimientos catalizaron el extraordinario desarrollo de la *genética*, la *fisiología celular*, la *bioquímica* de la célula y la *virología*, que ahora emergen en una nueva disciplina que las integra: la biología molecular» (1962).

Lehninger, en cambio, que propende a identificar bioquímica con biología molecular, pues ambas conciernen a los componentes moleculares de las células y comparten una misma empresa teórica (establecer la *lógica molecular* de los organismos vivos) resume así sus puntos de vista: «El conocimiento actual de la base molecular de la genética surgió como consecuencia de los avances teóricos y experimentales realizados en tres distintos campos científicos: la *genética clásica*, la *bioquímica* y la *estructura molecular*» (1981). Cada uno de ellos, a su vez, se apoya en el desarrollo de alguna técnica específica: el empleo de los rayos X como agentes mutágenos, los métodos cromatográficos y el análisis por difracción de rayos X, respectivamente.

Pese a las diferencias de perspectiva cronológica y de enfoque epistemológico, ambos coinciden en destacar el papel de la bioquímica y la genética, i. e., del contexto determinado y determinante en nuestra terminología. Ambos perciben también que el proceso de confluencia implica *otros* desarrollos, que a falta de un análisis gnoseológico en profundidad, no aciertan a precisar.

Las consecuencias que se derivan de esta hipótesis no pecan de sensacionalismo, pero son clarificadoras en la medida en que resuelven algunas perplejidades legítimas. En particular, de nuestro análisis se desprende que la polémica sobre los orígenes de la biología molecular resulta epistemológicamente estéril, porque argumenta *ex post facto*. Al reconocer el estatuto peculiar que el teorema de la doble hélice posee como descubrimiento singular en el seno de las ciencias biológicas, no sólo se le confiere valor biológico a resguardo de cualquier reduccionismo, sino que se le otorga un significado autónomo sin necesidad de recurrir a dudosas justificaciones *paradigmáticas* para destacar su novedad radical. (En general, no parece razonable una epistemología que tiene que inventarse una nueva ciencia cada vez que se produce un descubrimiento científico de envergadura).

Por lo demás, que la biología molecular no acota un nuevo campo de estudios con un cierre categorial específico puede parecer una conclusión fuerte para quienes privilegian ciertas evidencias sociológicas, pero en realidad está en consonancia con la autorizada opinión de la mayor parte de los bioquímicos, que han integrado sin mayor dificultad en su disciplina los nuevos descubrimientos sin necesidad de romper el marco teórico previo, ni lo que significativamente Albert L. Lehninger (1981) denomina «la lógica molecular de los organismos vivos»<sup>13</sup>. El citado manual, auténtica «biblia» del pensamiento bioquímico estándar, puede considerarse «ejemplar» —dicho sea con perdón de Kuhn— de evidencias sociológicas contrarias a las de Mullins. Permítaseme citar en este contexto a Raúl Ondarza, fundador de la cátedra de biología molecular de la UNAM (México), quien titula *Biología moderna (1968)* el manual que incorpora los nuevos descubrimientos específicos de su cátedra e incluye la biosíntesis de ácidos nucleicos en la *segunda parte* dedicada a «conceptos de bioquímica». Claro que también los químicos estructurales y deductivistas (línea Pauling) consideran estos avances de la biología molecular como una extensión natural de sus propios dominios, al mismo tiempo que genéticos y evolucionistas (Dobzhansky-Ayala) hallan en ellos un confortable sostén. Parece, en consecuencia, que este y otros teoremas adyacentes vienen a construir puentes de enlace o «integración» entre dos disciplinas clásicas: la química y la biología quedan así mutuamente involucradas. En este sentido no es extraño que los bioquímicos, llamados a cumplir justamente ese cometido de contacto, consideren estos desarrollos como avances en su propio campo. Lo que ocurre es que estas pregnantas e intuitivas relaciones de interconexión no se dejan analizar fácilmente en términos gnoseológicos. En cualquier caso, el esquema «revolucionario» de Kuhn no encaja con los datos. En cambio, la teoría del cierre categorial oferta un

<sup>13</sup> Ni que decir tiene que apelar polémicamente a las evidencias sociológicas de los bioquímicos, no significa suscribir sus puntos de vista reduccionistas. En particular, la afirmación gnoseológica de Lehninger (1981) de que «las líneas divisorias entre la bioquímica y la biología celular son cada vez más difíciles de identificar, ya que estos campos de la ciencia celular forman, verdaderamente, *un conjunto lógico*», no parece estar justificada a la luz de la información experimental disponible. Lehninger parece confundir la no-contradicción con la derivabilidad lógica. Aun cuando las once proposiciones que selecciona bajo la rúbrica de «lógica molecular de los organismos vivos» sean correctas, queda por demostrar que constituyan un sistema axiomático completo capaz de dar cuenta de todos los conocimientos que constituyen la biología celular.

conjunto de instrumentos conceptuales capaces, en principio, de resolver satisfactoriamente la mayor parte de las perplejidades tan profusamente comentadas en la literatura sobre el tema<sup>14</sup>.

## BIBLIOGRAFÍA

- Asimov's Guide to Science* (1972), Basic Books, Inc. New York (1973, ed. castellana)  
AYALA, F. J. y otros (1977) *Evolution*, Freeman: San Francisco.
- AYALA, F. J. «Entrevista con Francisco J. Ayala», *El Basilisco*, 15, 78-93, Oviedo (1983).
- BENZER, S. (1962) «The fine structure of the gene», *Scientific American*, 206, 70-84.
- BERNAL, J. D. (1964) *Science in History*, Watts, and Co. Ltd., Londres.
- BERTALANFFY, L. von (1968) *General System Theory*, George Braziller, New York.
- BUENO, G. (1976) *Estatuto gnosológico de las ciencias humanas*, Fotocopia, 4 vol.
- BUNGE, M. A. (1982) «¿Cómo desenmascarar falsos científicos?» *Los Cuadernos del Norte*, 15 52-69, Oviedo
- BUNGE, M. A. (1983) «Paradigmas y revoluciones», *El Basilisco*, 15, 2-9, Oviedo.
- CHARGAFF, E. (1971) «Preface to a Grammar of Biology: A hundred years of Nucleic Acid research», *Science*, 172, 637-642.
- DOBZHANSKY, Th. (1970) *Genetics of the Evolutionary Process*, Columbia Univ. Press, N. Y.
- ELSASSER, W. M. (1966) *Atom and Organism*, Princeton Univ. Press, New Jersey.
- HESS, E. L. (1970) «Origins of Molecular Biology», *Science*, 186, 664-669.
- JACOB, F. (1970) *La logique vivante*, Gallimard, París.
- KENDREW, J. C. (1970) «Some remarks on the History of Molecular Biology», en T. W. GOODWIN (ed): *British Biochemistry Past and Present*, Academic Press.
- KUHN, Th. (1962), *La estructura de las revoluciones científicas*, F. C. E., México, 1971.
- KUHN, Th. (1974), *Second Thoughts on Paradigms*, en F. SUPPE (ed) y en The University of Illinois Press, Urbana (ambos en castellano: editora nacional y tecnos).
- KUHN, Th. (1977), «El cambio de teoría como cambio de estructura: comentarios sobre el formalismo de Sneed», *Teorema*, VII-2, 141-165.
- LEHNINGER, A. (1981) *Bioquímica*, Omega, Barcelona
- LWOFF, A. (1962) *Biológica! Order*, The M.I.T. Press, Cambridge, Massachusetts.
- LWOFF, A. (1965) «El concepto de información en la biología molecular» en *Coloquios de Royaumont*, s. XXI, México, 1966.

<sup>14</sup> En general, no parecen quedar ya biólogos que no admitan la relevancia teórica de los procesos moleculares para la explicación de los fenómenos vivos, como tampoco parecen quedar físicos o químicos tan mecanicistas que no admitan una relativa autonomía, no reducible, de los procesos específicos catalogados como biológicos. Y en los últimos años se han sucedido los intentos de perfilar el peculiar campo de estudio de las ciencias biológicas más allá de las propuestas mecanicistas de reducción y más acá de la insensata apelación a entequis vitalistas. Elsasser (1966), por ejemplo, ha intentado diseñar una lógica de clases inhomogéneas para fundamentar la propuesta «organicista». Bertalanffy (1968), por su parte, ha intentado con los mismos supuestos dar la vuelta a la tortilla con su «revolución organísmica». Creo que sólo si se adopta una perspectiva gnosológica similar a la insinuada en el texto (no ontológica exclusivamente ni tampoco tecnológica) pueden resolverse estas difíciles cuestiones. El teorema de la doble hélice se halla justamente en el corazón del asunto.

- MASTERMAN, M. (1970) «The Nature of a Paradigm» en LAKATOS y MUSGRAVE (eds) *Criticism and the Growth of Knowledge*, Cambridge Univ. Press (vers. castellana en Grialbo, 1975).
- MIRSKY, A. E. (1968) «The discovery of DNA» *Scientific American*, 218: 78-88.
- MONOD, J. (1970) *Le hasard et la nécessité*, Editions de Seuil, París (vers. cast. en Barral, 1970).
- MOULINES, U. (1962) *Exploraciones Metacientíficas*, Alianza Universidad, Madrid.
- MULLINS, M. C. (1966) «Social Networks among Biologists! Scientists», Harvard Ph. D.th.
- MULLINS, M. C. (1962) «The development of a scientific speciality», the Phage Group and the origins of Molecular Biology», *Minerva*, X, 51-82.
- ONDARZA, R. N. (1968) *Biología Moderna*, s. XXI, México: 1979.
- RUSE, M. (1973) *La filosofía de la Biología*, Alianza, Madrid, 1979.
- SHAPERE, D. (1964) «The Structure of Scientific Revolutions», *Phil. Review*, 73, 383-94.
- SHAPERE, D. (1966) «Meaning and Scientific Change» en COLODNY (ed): *Mirrored Cosmos* Univ. of Pittsburgh Press.
- SNEED, J. (1971) *The Logical Structure of Mathematical Physics*, D. Reidel, Dordrecht.
- STEGMULLER, W. (1973) *Theorie und Erfahrung*. Vol II. Springer-Verlag. Berlín.
- STEGMULLER, W. (1979) *The Strukturalist View of Theories*, (*ibid.*) vers. cast. 1981