

Kauffman, S. A. *The Origins of Order. Self-Organization and selection in evolution*, Oxford University Press, New York, Oxford, 1993.

Este es un libro magnífico aunque erróneo, o mejor dicho, es un libro erróneo por magnífico. Lo que Kauffman se propone es, ni más ni menos, que modelizar mediante álgebra de Boole, una amplia panoplia de procesos biológicos que van desde la catálisis enzimática hasta el desarrollo embrionario de los seres vivos. Y todo ello, como digo, basándose en unos modelos de extremada simplicidad caracterizados por su número de elementos y las conexiones entre los mismos. El simple juego de relaciones entre estas dos características, bastaría para explicar las propiedades de los más dispares sistemas. En efecto, según Kauffman, un modelo con más elementos que conexiones entre ellos es el que corresponde a sistemas deterministas. Si cada elemento está conectado con más de otros dos elementos del sistema, entonces, éste es un sistema caótico. Pero si el número de conexiones es igual a 2 el sistema es un orden al límite del caos. Éste es precisamente, el modo que tiene Kauffman de caracterizar la vida, como orden al borde del caos. En estos sistemas hay un núcleo, digamos, cristalizado, de tal manera que los cambios en él conforman un bucle en el que no cabe gran innovación. En su entorno habría una red, una nube, de elementos que cambiarían su comportamiento conforme las diferentes señales del núcleo y del exterior llegaran hasta ellos. De este modo, se generarían una serie de atractores caóticos que describirían cada uno de los equilibrios momentáneos del sistema.

Una vez establecido un modelo tan simple como el anterior, Kauffman desarrolla una serie de elaboraciones matemáticas cada vez más complejas mediante las cuales se pueden explicar el comportamiento de diferentes sistemas vivos. Kauffman puede entonces sacar todo su mordiente a la noción de espacio catalítico. La idea es fácil y bien conocida en física. Se trata de construir un espacio de fases, esto es, un espacio abstracto con tantas dimensiones como estados posibles tiene el sistema. Por poner un ejemplo inadecuado, podemos caracterizar cada proteína por la cantidad de aminoácidos diferentes que tiene. Dado que la inmensa mayoría de las proteínas están constituidas por 20 tipos de aminoácidos, puede decirse que cada proteína es un punto en un espacio de 20 dimensiones. Evidentemente este ejemplo es erróneo porque lo importante de las proteínas no es el número de aminoácidos sino la secuencia de los mismos, pero el ejemplo es mío, no de Kauffman. Lo que él hace es utilizar un espacio de fases en el cual cada una de las reacciones catalíticas de las enzimas, sería una dimensión, ocupando cada enzima un punto en este espacio de fases en virtud de la

reacción catalítica que sea capaz de desarrollar. Lo primero que queda claro es que cada enzima ocupa no un punto, sino una región, ya que son múltiples las reacciones que una enzima puede catalizar con mayor o menor eficacia, aunque todas ellas tienen un cierto “aire de familia”. Cada enzima queda entonces caracterizada por una “bola catalítica”. Ahora resulta que una mutación es un simple tránsito desde una bola catalítica hasta otra. De este modo, Kauffman puede realizar un elegante tratamiento del azar del que hablaba Darwin a través de los paseos al azar que William Feller describiera en su sistemática *An Introduction to Probability* de 1950. En realidad, Kauffman le debe mucho más a Feller de lo que sus citas dejan entrever.

Una vez que las mutaciones son entendidas como paseos al azar por un espacio de fases, se puede comprender por qué hay determinadas estructuras que se mantienen a lo largo del tiempo mientras se producen mutaciones, es decir, por qué las mutaciones “creativas”, no afectan a la estructura primaria de los seres vivos. En efecto, como ya estableciera Feller, en los paseos al azar hay una serie de constantes, si se quiere topológicas, que tienen que mantenerse a lo largo del tiempo. Éste es precisamente el punto más fuerte de la teoría de Kauffman, a saber, que los argumentos puntualistas, neutralistas y demás escuelas heterodoxas del darwinismo, aparecen ahora simplemente como características de los teoremas matemáticos que describen el azar del que hablaba Darwin.

Desgraciadamente, el tiempo se ha portado muy mal con otros logros de Kauffman, si bien dejan muy claro cuál es la fuente de todos los problemas. Las modelizaciones de Kauffman presuponen explícitamente que los seres humanos tenemos no menos de 100.000 genes. Todos los cálculos han sido adaptados a esta idea y no hay manera de que funcionen con los 23.000 que se supone hoy día que tenemos. Si esto fuera todo, uno podría imaginar que la culpa la tienen las pequeñas “trampas” que Kauffman realizó. Pero hay más. Los problemas se hallan en el núcleo mismo de sus planteamientos. La vida no se puede modelizar a través de del álgebra de Boole. Kauffman es consciente de las críticas que en este sentido se le pueden hacer y él reitera en varias ocasiones que modelizar la vida a través del álgebra de Boole es caricaturizarla. Sin embargo, tiene la esperanza de que esa caricatura se le aproxime y presenta como apoyo el hecho de que se puede demostrar matemáticamente que una función sinusoidal se puede modelizar a través de un interruptores *on/off* como los que constituyen un álgebra de Boole. La cuestión es que ningún sistema vivo es un simple interruptor. Un gen nunca está activo o inactivo, como el propio Kauffman reconoce.

Un gen siempre se expresa en un cierto grado y esto incluye a los genes reguladores. Hay más. Si se mide el potencial eléctrico que recorre un nervio cuando se envía la instrucción de contraer un músculo y ese mismo potencial eléctrico cuando la orden es relajar el músculo, se podrá observar que uno no es la inversión del otro. La “negación”, en los sistemas vivos, nunca es lo contrario de la afirmación, sino una especie de modificación de la orden original. Eso no se puede comprender a través de un álgebra de Boole. Las maravillosas constantes que aparecen en las modelizaciones de Kauffman, (como el hecho de que todo sistema tenga tres estados o la transición de fase que se produce al pasar de un número de conexiones igual a dos a otro superior a dos), resultan entonces ser propiedades de los modelos utilizados y no de los sistemas biológicos.

Pero los errores afectan a algo más que a la biología. Decía Keynes que la economía, era ideología recubierta de un manto matemático. Eso es cierto respecto de las modelizaciones matemáticas de Kauffman cuando afirma que sus modelos matemáticos hacen innecesaria la idea de selección. Éste es un error muy típico de quienes critican a Darwin sin leerlo. Y es que el término “selección” es multívoco en Darwin. “Selección” significa dos cosas muy distintas. Por una parte, hay la selección natural, que consiste en la supervivencia de los individuos mejor adaptados. Por otra parte está la selección sexual que consiste en que los individuos que parecen más atractivos, los que más llaman la atención, son los que tendrán mayores probabilidades de aparearse. Si Darwin sólo hubiese hablado de selección natural, la cola de los pavos reales sería un misterio desde un punto de vista evolutivo. Pero en los seres vivos, junto con el proceso estabilizador de la selección natural, existe un proceso destabilizador que es la selección sexual. Entre ambas hay una tensión cuyo equilibrio dinámico da como resultado los seres vivos tal y como los conocemos. Lo cierto es que nunca está muy claro a qué se refiere Kauffman cuando habla de selección, pues, con frecuencia, no le adjudica apellido alguno.

De modo análogo, el problema de cuáles fueron los primeros elementos funcionales de la vida, las proteínas o los ácidos nucleicos, es tratado desde un punto de vista matemático, demostrándonos, mediante ingeniosas fórmulas, que un sistema complejo de las unas o los otros, es tan probable como el surgimiento de un solo elemento de alguna de las dos soluciones posibles. Lo único que se consigue en realidad es eludir el verdadero problema, pues Kauffman elabora un bonito entramado matemático sobre una especie de caja negra en la que entran por un lado péptidos o

bases nucleicas y salen por el otro proteínas o ácidos nucleicos perfectamente conformados. El problema, el problema real, es qué demonios hay en el interior de esa caja negra, qué maravillosa coincidencia ocurrió para que las proteínas o los ácidos nucleicos pudieran irse formando a la vez que quedaban aisladas/os de un medio que fácilmente habría de degradarlos. Las sospechas sobre las razones últimas de Kauffman se agudizan cuando los inocentes modelos biológicos se convierten en modelizaciones económicas, pues, de matute, se nos pretende colar una nada inocente definición de economía en la que ésta pasa a ser una *ciencia* que busca satisfacer nuestras necesidades. No estaría mal que se nos explicara quién demonios necesita un *Porsche*.

Manuel Luna