

División de Ciencias Sociales y Humanidades

**RECONSTRUCCIONES GRAFO-MODELO DEL MECANISMO DE SÍNTESIS DE
PROTEÍNAS**

Idónea Comunicación de Resultados

Para obtener el grado de

Maestro en Ciencias Sociales y Humanidades

Presenta:

Rubén Darío Madrigal Ceballos

Director:

Dr. Mario Casanueva López

Asesores:

Dra. Violeta Aréchiga Córdova

Dr. Diego Méndez Granados

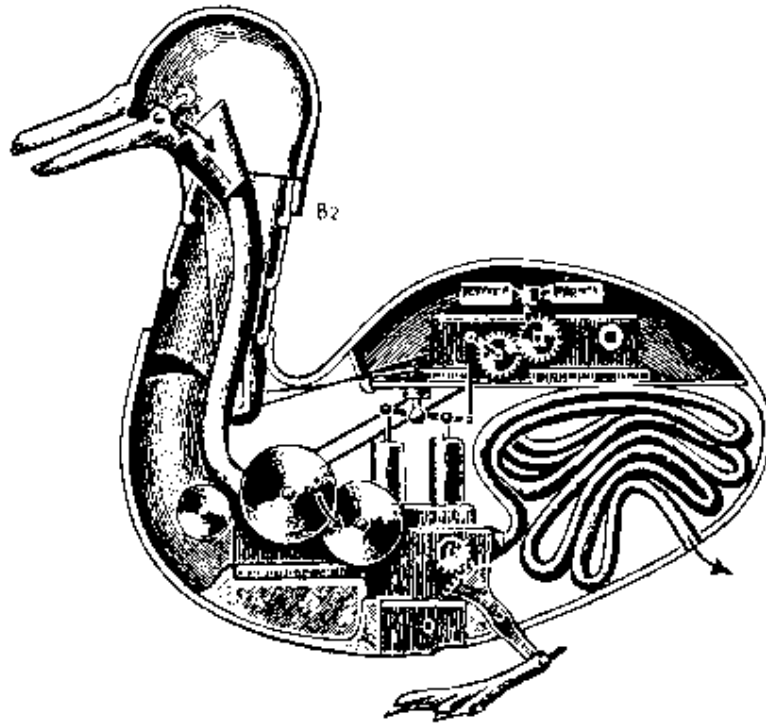
Sinodales:

Dra. Violeta Aréchiga Córdova

Dr. Diego Méndez Granados

Dra. Mariana Peimbert Torres

Ciudad de México, 3 de diciembre de 2018



El pato autómeta de Jacques de Vaucanson, capaz de comer y defecar (de contar con la asistencia adecuada).

Capítulo I

Introducción

0. Brevemente

“Nada en biología tiene ningún sentido sin la idea de que los biólogos están en búsqueda de mecanismos”, señalan Carl Craver y Lindley Darden (2013, p. 202) en una paráfrasis a la icónica frase del biólogo evolutivo y genetista Theodosius Dobzhansky¹. Este enunciado abandera el espíritu de una corriente filosófica conocida como Nuevo Mecanicismo, la cual cobró fuerza en el reciente cambio de siglo como un marco integrador en filosofía de la ciencia.

Especialmente popular en biología, neurociencias y psicología, el Nuevo Mecanicismo destaca la importancia de otorgar un papel central a los mecanismos con respecto a cuestiones ya clásicas en filosofía de la ciencia al hablar de explicación, causalidad, descubrimiento y leyes.

El Nuevo Mecanicismo es conocido principalmente por el texto *Thinking About Mechanisms* de Machamer, Darden y Craver (2000), el cual propone entender a los mecanismos como conjuntos de entidades y actividades organizadas de manera que producen, subyacen o mantienen a un determinado fenómeno. Vale la pena mencionar que este icónico escrito neomecanicista goza de la distinción de ser el texto más citado en filosofía de la ciencia (Leuridan, 2010; Humphreys et al., 2016, p. 747).

Sin ignorar que han pasado casi veinte años en los que ríos de tinta desbordaron sus cauces discutiendo y articulando el Nuevo Mecanicismo, en esta investigación me propongo una tarea que considero de gran importancia: si bien los

¹ Cuya frase original es “Nada en biología tiene sentido sino es a la luz de la evolución” (*Nothing in biology makes sense except in the light of evolution*) (Dobzhansky, 1973).

autores de la propuesta neomecanicista han defendido que los enfoques centrados en leyes y teorías poco tienen que aportar a su paradigma e invitan a abandonar las leyes para abrir camino a la exclusividad de los mecanismos (Bechtel y Richardson, 1993; Machamer; Darden y Craver, 2000; Craver, 2001; Craver y Darden, 2001; Darden, 2002, 2006; Darden y Craver, 2002; Glennan, 2002; Woodward, 2002; Tabery, 2004; Bechtel & Abrahamsen, 2005, 2007, 2011; Craver, 2008; Craver y Kaiser, 2013; Bechtel, 2011; Sheredos et al., 2013; Abrahamsen y Bechtel, 2015), sostengo que caracterizaciones de ley como la empleada por corrientes semanticistas apuntan lo contrario y hacen compatibles las nociones de mecanismo y ley. Sumado a esto, pienso que de mirar con lentillas semanticistas a los mecanismos (específicamente desde la llamada Concepción Grafo-Modelo) se tiene la posibilidad de generar una mayor precisión conceptual al detallar aspectos clave de la explicación mecanicista². Para ilustrar mi punto, me propongo realizar una reconstrucción en términos modelo-teóricos de la estructura conceptual de un mecanismo en particular: el de la síntesis de proteínas.

Para desarrollar este planteamiento, he elaborado este documento en donde el primer capítulo muestra aspectos clave del Nuevo Mecanicismo. Incluyo en este apartado inicial detalles de la manera en que el término “mecanismo” es entendido, señalando que posee diversas interpretaciones dependiendo de los autores y momentos de enunciación, sin embargo, aclaro que existe una definición de consenso neomecanicista, la cual presento. También hablo de la buena cara del enfoque hacia los diagramas, ya que son considerados por estos autores como

² Corrientes sobre las que detallo en el segundo capítulo de este escrito, enfatizando en su momento sobre este punto de la compatibilidad mecanismo-ley.

mejores herramientas que los textos para presentar entidades y actividades que conforman los mecanismos. Además, me detengo a mostrar las diferentes formas de entender *explicación* surgidas al interior de la propuesta: una apoyada en el carácter óntico de la *explicación* mecanicista (defendida por Carl Craver), otra en el epistémico (de William Bechtel), y una tercera de integración óntico-epistémica (de Phyllis Illary). Al final de este capítulo doy detalles sobre el rechazo desde el Nuevo Mecanicismo a los enfoques centrados en leyes, teorías y modelos e insisto que su oposición mecanismo-ley no es definitiva, pues a partir de una visión modelo-teórica como a la que adscribo es posible hacer compatibles las nociones de ley y mecanismo. La intención de este capítulo es exponer ciertos aspectos del Nuevo Mecanicismo que busco poner en tensión con mi reconstrucción grafo-modelo.

El segundo capítulo presenta las bases de la Concepción Grafo-Modelo, enfoque modelo-teórico con el cual reconstruiré el mecanismo de la síntesis de proteínas. Entre gran cantidad de detalles, señalo que la principal ventaja de Grafo-Modelo es la posibilidad de capturar de un solo vistazo y de manera completa el diagrama que contiene la estructura lógico-conceptual del mecanismo. Esto gracias a que su formato bidimensional dota de un componente gráfico a la estructura conceptual del mecanismo, obteniendo así un esquema simple de puntos y flechas (características pictóricas de la más sencilla de sus versiones). Sumado a esto, permite identificar, de manera relativamente sencilla, las diferentes funciones epistémicas involucradas en la explicación ofrecida por el mecanismo. Es aquí en donde expongo la manera de entender “ley” que Grafo-Modelo ofrece, común a las escuelas semanticistas, y en la que me baso para sostener la posible compatibilidad entre la visión neomecanicista y este enfoque centrado en leyes y teorías.

En el tercer y último capítulo presento mi trabajo de reconstrucción Grafo-Modelo del mecanismo de la síntesis de proteínas. He elegido este mecanismo para ejemplificar mi punto debido a que, en primer lugar, ha sido utilizado con anterioridad en la discusión neomecanicista (Machamer *et al.* 2000; Darden, 2006; 2013) y, además, por su importancia como un mecanismo destacado dentro de las ciencias biológicas, pues resulta un mecanismo central en dos importantes campos de la biología: biología molecular y bioquímica. Comienzo el capítulo con un breve recorrido histórico seguido de una descripción en prosa del mecanismo en donde se identifican cinco momentos destacados de su funcionamiento: i) la activación de los aminoacil-tRNA, ii) el ensamblaje del complejo de la síntesis de proteínas, iii) el proceso de elongación de la cadena polipeptídica, iv) la etapa de liberación y término, y v) los procesos post-sintéticos. Esta división puede encontrarse también en el grafo que sigue al texto, en donde la estructura del mecanismo queda plasmada de manera sinóptica. He de mencionar que, más que presentar un único grafo, aprovecho la posibilidad de esta herramienta de manejar diferentes niveles de profundidad en el detalle. La versión más detallada del grafo (que incluyo adjunta en los anexos debido a su tamaño y nivel de detalle) me permite enunciar en este apartado la ley correspondiente al mecanismo, la cual enlaza las diferentes entidades y relaciones que lo constituyen, mostrando de esta manera mi punto sobre la compatibilidad mecanismo-ley sobre la que he estado insistiendo.

Agradezco a mi madre y a mi padre por el apoyo incondicional y el amor tan profundo que siempre me han expresado. Les dedico este trabajo y cada buen paso dado en mi vida. A mi abuela Alicia, por su lucha y ejemplo. Quiero agradecer también a Danny y a Diana, a Mario Casanueva, Violeta Aréchiga, Diego Méndez y

Mariana Peimbert, así como a Andrés, Arcelo y Arantza, a Gamarvi y Nadia, a Xóchitl, Juanfe y Agus, a Miruna y Analiese, a Michael, a Noemí, Tomás, Mónica e Iyalli, a Fabián, Omar y Deyanira, a Makoto y Bernardo, a Jonás. Agradezco colectivamente a las y los integrantes de los seminarios Phibio, Remo y Equilibrium por el valioso espacio para experimentar y aprender. Mi gratitud con los comuneros de Santa Rosa Xochiac y su bosque. Este trabajo no se podría haber realizado sin el apoyo de la beca de posgrado Conacyt que recibí durante los dos años que duró la maestría. Gracias especialmente a Nía por su bella luz a través del mar, la montaña y la ciudad.

Capítulo II

Nuevo Mecanicismo

0. El Nuevo Mecanicismo

En esta sección hago una introducción al denominado Nuevo Mecanicismo, postura con la que pretendo discutir, de la cual detallo aspectos importantes sobre su forma de entender mecanismo, su buen recibimiento hacia los diagramas, así como su relación con la idea de explicación y con la noción de ley. Sobre este último, brevemente sostengo que, a pesar del rechazo de esta postura hacia concepciones centradas en leyes—cuestión que detallaré en su momento—, es posible rescatar el término y verse a sí misma beneficiada por ello si se opta por una versión más sofisticada de *ley*, entendida como lo hacen las corrientes semanticistas.

1. El surgimiento del Nuevo Mecanicismo

Desde hace aproximadamente dos décadas, lo que eventualmente se conoció como Nuevo Mecanicismo (NM), emergió y se popularizó como un marco para abordar diferentes áreas de las ciencias, especialmente la biología.³ El NM recibe debe su nombre a que otorga un papel central a los mecanismos dentro de la biología, de su desarrollo como disciplina, y al dar explicaciones causales (Bechtel y Richardson, 1993; Machamer, Darden y Craver, 2000; Craver, 2001; Craver y Darden, 2001; Glennan, 2002; Darden 2002; Bechtel y Abrahamsen, 2005; Illari y Williamson, 2012).

³ Cuestión en la que jugó un papel decisivo la obra de Bechtel y Richardson (1993), como texto seminal, además del popular documento de Machamer, Darden y Craver (2000), el texto más citado en filosofía de la ciencia (Glennan, 2014).

Lo anterior al punto de insistir en la promoción del NM como un enfoque integrador, al sugerir que la filosofía de la biología, y quizá la filosofía de la ciencia en general, debería ser reconstruida en torno a la idea fundamental de que los científicos organizan su trabajo en la búsqueda de mecanismos (Machamer, Darden y Craver, 2000).

Los neomecanicistas insisten en que las ciencias de la vida tienen como objetivo la apertura de *cajas negras*, de manera que, a través del experimento y la observación, sea posible descubrir y aprender cuáles entidades y actividades componen un mecanismo y cómo estos componentes están organizados de manera que juntos realizan algo que ninguno de ellos haría aislado. Destacan, además, que este conocimiento de los mecanismos ocultos del mundo natural permite a los humanos obtener control sobre las *fuerzas de la naturaleza* que ejercen dominio sobre sus vidas⁴ (Craver y Darden, 2013).

El NM no solamente considera que los mecanismos son centrales dentro de la biología, sino también para la historia de la biología. Los filósofos autores del NM fueron también practicantes de la historia de la ciencia y sostienen haber construido una filosofía de la ciencia que goza de estar históricamente informada. Desde el NM se considera no sólo que los biólogos se encuentran en búsqueda de mecanismos,

⁴ Craver y Darden aseguran que la búsqueda de mecanismos es útil para tres fines centrales de la ciencia: predicción, explicación y control, siendo este último el más importante. Conocer el mecanismo permite que, de manera potencial, se pueda intervenir en él, haciendo posible producir, eliminar o cambiar el fenómeno dado. Textualmente: “los mecanismos biológicos, en otras palabras, son de interés porque queremos ponerlos bajo nuestro control: para la producción (como en la agricultura), para la salud (para los propósitos de la medicina y farmacología), y para el manejo ambiental y protección (en ecología)” (Craver y Darden, 2013, p. 6).

sino que a ello se han dedicado durante la práctica de la ciencia contemporánea (tanto en el laboratorio como impresa), y que varios de los grandes logros de la historia de la ciencia consistieron, justamente, en el descubrimiento de mecanismos. Una cuestión central que la filosofía de la ciencia que denominan *más tradicional* (refiriéndose al empirismo lógico) habría fallado en reconocer (Craver y Tabery, 2016).

Además, los mecanismos resultan esenciales para la formulación de explicaciones. El NM se distancia de enfoques que consideran que la explicación tiene base en leyes y teorías, y en específico, del modelo de cobertura legal (Hempel y Oppenheim, 1948; Nagel, 1964; Hempel, 1970). En contraste, insiste que explicar consiste en la elucidación de las estructuras causales que producen, subyacen o mantienen el fenómeno de interés⁵, es decir, explicar es dar cuenta de cómo el fenómeno en cuestión es provocado por determinadas entidades y actividades; de modo que explicar es dar cuenta de los mecanismos subyacentes (Machamer, Darden y Craver, 2000).

⁵ Desde el Nuevo Mecanicismo, *producción* aplica para los mecanismos concebidos como una secuencia causal que termina en algún producto final, de manera que el fenómeno resulta un objeto (la producción de una proteína), un estado (estar fosforilado), o una actividad (como la digestión). *Subyace* se refiere a mecanismos en los que el fenómeno es entendido como una capacidad o un comportamiento del mecanismo como un todo (como en los mecanismos fisiológicos). Mientras que *mantiene* se refiere a los casos en los que el fenómeno es un estado o un rango de estados que se mantiene debido al mecanismo (como los mecanismos homeostáticos) (Craver y Tabery, 2016).

2. ¿Qué es un mecanismo?

Como el adjetivo “nuevo” en “Nuevo Mecanicismo” apunta, el término “mecanismo” no es una producción original de este enfoque. Se trata de una reinterpretación de lo que, de acuerdo con Craver y Tabery (2016), se desarrolló inicialmente en las—denominadas por ellos—austeras filosofías mecanicistas los siglos XVI y XVII.⁶ A pesar de reconocerle como una figura central en estas filosofías mecanicistas originales, el NM también toma distancia de Descartes y de su acercamiento mecanicista a los fenómenos biológicos, plasmado en declaraciones como la siguiente:

Me gustaría que considerara que estas funciones (incluyendo la pasión, la memoria y la imaginación) se derivan de la mera disposición de los órganos de la máquina de una manera tan natural como los movimientos de un reloj u otro autómeta derivan de la disposición de sus contrapesos y ruedas. (Descartes, *Tratado sobre el Hombre*, p.108)

De acuerdo con Craver y Darden (2013), la propuesta cartesiana de un universo de pequeños corpúsculos chocando los unos con los otros, estaría cargada de una austeridad metafísica y un materialismo que el NM preferiría evitar. La consideración de que lo esencial de los mecanismos son las colisiones habría quedado en el pasado, pues el NM no considera que los mecanismos sean necesariamente “mecánicos”—en el sentido de colisión cartesiano que distingue la

⁶ A la vez, Craver y Darden (2013) reconocen en Aristóteles algunas características de su propuesta, sin embargo, se resisten a considerarlo un mecanicista.

cita anterior—sino que se acepta la existencia de muy diversos mecanismos con procesos distintos entre sí, provenientes tanto de la física como de la química, la biología, psicología, economía, etcétera.

Por su parte, desde la popularización de su propuesta a partir de Machamer Darden y Craver (2000), los neomecanicistas han ofrecido diferentes caracterizaciones de lo que debe entenderse por “mecanismo”. Entre ellas, las más destacadas, de acuerdo con Craver y Tabery (2016), son tres:

- i) “Los mecanismos son entidades y actividades organizadas de tal manera que producen cambios regulares desde el inicio (o puesta en marcha) hasta el final (o condiciones de término)” (Machamer, Darden y Craver, 2000, p. 3).
- ii) “Un mecanismo para un comportamiento es un sistema complejo que produce ese comportamiento mediante la interacción de un número de partes, en donde la interacción entre las partes puede ser caracterizada por generalizaciones directas, invariantes y relacionadas al cambio” (Glennan, 2002, p. 344).
- iii) “Un mecanismo es una estructura que lleva a cabo una función en virtud de sus partes componentes, sus operaciones componentes, y su organización. El funcionamiento orquestado del mecanismo es responsable de uno o más fenómenos” (Bechtel y Abrahamsen, 2005, p. 423).

Si bien estas posturas son distintas en su enunciación y en algunos aspectos centrales (por ejemplo, el énfasis en la regularidad de los cambios de la primera, o la centralidad de las funciones de la segunda)⁷, Illari y Williamson ofrecen una versión que denominan *de consenso*, la cual pretende capturar el corazón de estas diferentes aproximaciones, de manera que “un mecanismo para un fenómeno consiste en entidades y actividades organizadas de tal forma que son responsables del fenómeno [en cuestión]” (2012, p. 120). A continuación, y a partir de ella, profundizaré en algunos puntos.

3. Entidades y actividades, organización y fenómenos

Esta definición de consenso involucra diferentes términos a comprender: *entidades*, *actividades*, *organización* y *fenómeno*.

El NM considera que los mecanismos constan de dos importantes componentes: *entidades* y *actividades*. Por *entidades* deben entenderse las partes en los mecanismos en conjunto con sus diferentes propiedades, responsables de comprometerse en la realización de las actividades; por otro lado, por *actividades* se entiende a las cosas que las entidades hacen, las cuales son productoras del cambio (Machamer, Darden y Craver, 2000; Craver y Darden, 2013). Al momento de describir un mecanismo, a menudo se emplean sustantivos para referir a las entidades (e.g. organismos, células, macromoléculas), mientras que los verbos usualmente aluden a las actividades (e.g. “empujan”, “intercambian”, “bloquean”). El

⁷ Aunque Leuridan (2010) sostiene que, si bien la primera definición hace explícito el papel de las regularidades en los mecanismos, las otras definiciones hacen mención implícita de ellas de manera que los mecanismos resultan ontológicamente dependientes de las regularidades.

objetivo principal al momento de realizar la descripción de un mecanismo, es hallar las entidades y actividades que le componen y por las cuales el mecanismo trabaja.

En cuanto a la *organización*, debe considerarse que las entidades y actividades poseen tanto una estructuración espacial (i.e. ubicaciones, tamaños, formas y orientaciones de las entidades), como una temporal (orden, tasas y duración de los estadios), de manera que componentes con una organización espacial y temporal distinta a menudo actúan diferente. Por otro lado, entidades y actividades poseen, lo que podría denominarse, una *organización activa*, la cual distingue a los mecanismos de meros agregados de materia (como podría ser un montículo de tierra)⁸. *Activa* en el sentido en que las partes actúan e interactúan las unas con las otras de tal manera que el todo no es una mera suma de las partes. Esto ya que, como he mencionado, el NM considera que los mecanismos deben entenderse haciendo cosas, no como meras sumas estáticas de las propiedades de sus componentes (Craver y Darden, 2013).

Resta aclarar qué se entiende por *fenómeno* en la definición de consenso. Es importante reconocer que todo mecanismo es *un mecanismo para un fenómeno determinado*. Las descripciones del fenómeno restringen la forma del mecanismo

⁸ Si bien a veces es fácil entender los mecanismos biológicos *como si fueran máquinas*, desde el NM se sostiene que no todos los mecanismos son *máquinas*. Además de que las máquinas se distinguen por ser una creación humana, mientras que los mecanismos son productos de la evolución, el punto clave para entender la distinción que propone el NM se encuentra en que los mecanismos están vinculados a la actividad. Es decir, además de que las máquinas pueden estar formadas por varios mecanismos, la diferencia se encuentra en que éstas son capaces de ser activas y pasivas, en tanto que un reloj detenido sigue siendo una máquina, mientras que los mecanismos solamente lo son mientras trabajan. Los mecanismos siempre están haciendo algo (Craver y Darden, 2013).

que se buscará descubrir, en tanto que su relevancia para determinado fenómeno determinará si se les considera como componentes de un determinado mecanismo. Entidades y relaciones sin influencia en el fenómeno de interés, no son consideradas como parte del mecanismo. Así, los límites del mecanismo—qué es y qué no—son especificados en referencia al fenómeno que el mecanismo explica.

La subsunción del mecanismo bajo el fenómeno se observa en la Figura 1, en donde puede identificarse el fenómeno con una elipse negra y el mecanismo subyacente con la elipse clara, integrado por sus respectivas entidades (X) y actividades (φ)⁹. Las líneas punteadas indican que las partes y actividades se encuentran contenidas dentro del mecanismo, es decir, son componentes del mecanismo (Craver, 2007). A manera de ejemplo, es posible considerar como un fenómeno a la producción de proteínas en el interior de las células, en donde el mecanismo propuesto para darle explicación, correspondería al mecanismo de la síntesis de proteínas. De proceder así, entre las entidades encontraríamos a las subunidades ribosomales 30s y 50s, así como al ARN_m, ARN_r y ARN_t, por ejemplo, y por actividades tendríamos acciones como “se acoplan”, “se desplazan”, “se colocan en determinado sitio activo”.

Dentro de los ejemplos paradigmáticos del NM destaca la atención que se ha puesto sobre los contextos moleculares. Esto debido a que la agencia causal de las biomoléculas empata bien con sus consideraciones respecto al mecanismo o las

⁹ Vale la pena mencionar que el NM no tiene una forma estandarizada para representar visualmente los mecanismos. En algunas ocasiones en sus diagramas se presenta a las actividades anidadas en las entidades (a la manera de x haciendo φ), mientras que en otras se utilizan flechas para su representación. Esta ambivalencia puede resultar en imprecisiones y confusiones.

explicaciones causales que apelan a mecanismos en los términos antes descritos (Darden y Craver, 2002; Darden, 2008, 2013; Nicholson, 2012).¹⁰

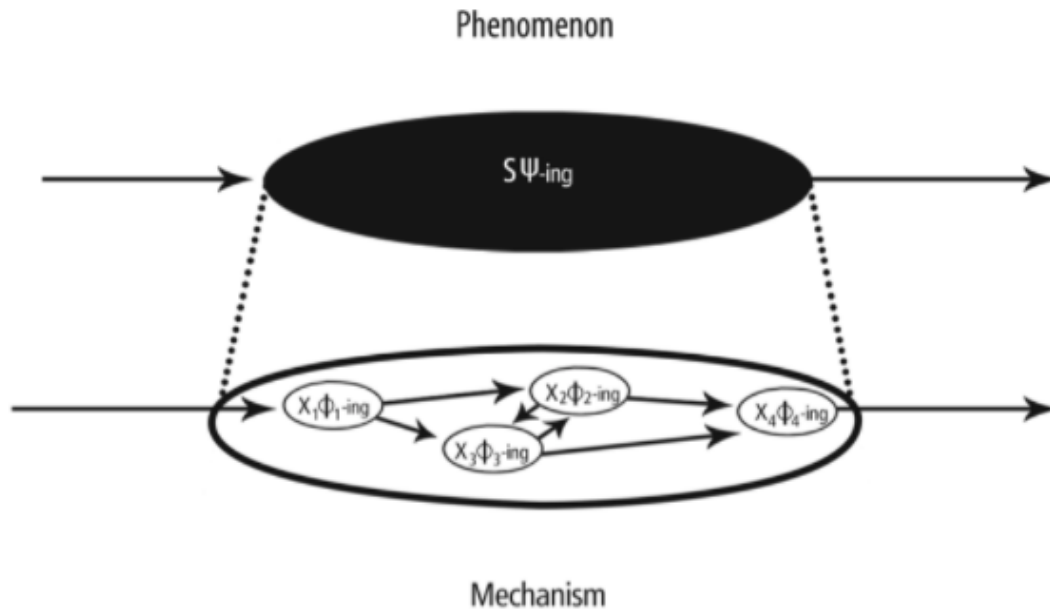


Figura 1. Una representación visual de un mecanismo, mostrando su relación con el fenómeno (tomado de Craver, 2007).

¹⁰ Los neomecanicistas insisten en que su perspectiva no es necesariamente reduccionista. Esto ya que describen a los mecanismos como entidades multi-nivel, pudiéndose encontrar sus actividades en diferentes niveles, siendo igualmente esenciales para el funcionamiento del mecanismo. De acuerdo con Bechtel (2009) la explicación mecanicista requiere tomar en consideración no solamente a las partes y operaciones del mecanismo, sino también su organización y el ambiente en el cual el mecanismo está situado. Bechtel detalla que la explicación mecanicista requiere no solamente de mirar hacia abajo (descomponiendo al mecanismo), sino también debe mirar alrededor (recomponiendo el mecanismo) y mirar hacia arriba (situando al mecanismo).

4. Representación y mecanismos

Los mecanismos pueden representarse de muchas maneras (como narrativas o como diagramas, por ejemplo), sin embargo, sin importar la forma que tomen, desde el NM se refieren a estas representaciones como *esquemas de mecanismos*.

Un esquema es una descripción truncada de un mecanismo, en la cual sus entidades, actividades y aspectos organizacionales son conocidos con suficiente detalle como para ser completado de acuerdo a como sea requerido. Recuperando el ejemplo de la síntesis de proteínas, en la Figura 2, de requerirlo, podríamos incluir los detalles de una secuencia específica de bases de ADN, su secuencia complementaria de bases en el RNA, y la particular secuencia lineal de aminoácidos producidos por este mecanismo, por nombrar algunos ejemplos. Sin embargo, el NM introduce en contraposición el término de *sketch* de un mecanismo, el cual refiere a una representación incompleta, la cual se caracteriza por contener huecos en sus estadios. Esas piezas perdidas pueden aparecer en los diagramas como *cajas negras*, signos de exclamación o *términos de relleno*¹¹, las cuales todavía no se sabe cómo reemplazar.

¹¹ Términos a menudo usados para indicar un tipo de actividad en el mecanismo, sin proporcionar detalle alguno sobre cómo la actividad se está realizando (Craver y Darden, 2013).

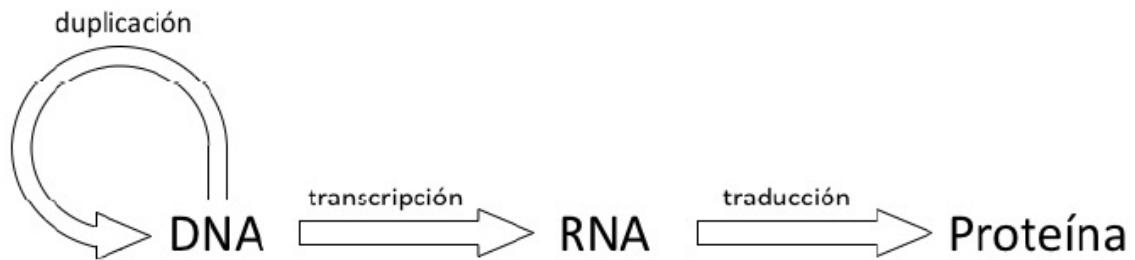


Figura 2. Versión sintética del dogma central de la biología molecular (redibujado de Machamer, Darden y Craver, 2000, p. 16, a su vez redibujado de Watson, 1965, p. 298).

Además de distinguir también a estas representaciones de los mecanismos dependiendo de su grado de apoyo por parte de la evidencia y de acuerdo a su alcance¹², los esquemas variarán dependiendo del nivel de detalle que contengan, moviéndose así entre la *abstracción* y la *especificidad*. Como es evidente, la abstracción es el proceso de deshacerse del detalle, mientras que la especificidad lo agrega. Para ejemplificar estos polos, el diagrama de la Figura 2, puede ser comparado con el de la Figura 3, el cual muestra mayor especificidad a pesar de que representa al mismo mecanismo.¹³

¹² Diferenciando entre *esquemas cómo-de-hecho* y *esquemas de cómo-posiblemente* opera un mecanismo, dependiendo de la evidencia y en esquemas que varían desde un corto alcance hasta aquéllos extendidos a todos los organismos de la Tierra.

¹³ Vale la pena señalar que el nombre de “diagrama de la síntesis de proteínas” no se refiere a una entidad particular (*token*), sino a una clase (conjunto) de entidades o a una descripción que satisfacen los miembros de una clase (*type*). No hay tal cosa como “El Diagrama de la Síntesis de Proteínas”, sino que hay un conjunto de ellos que, dependiendo del grado de abstracción pictórica, varían entre sí en los diferentes aspectos que visibilizan. Todos ellos comparten ciertos aspectos de carácter general, pero pueden llevarnos a esquemas muy diferentes dependiendo de las diferencias en las

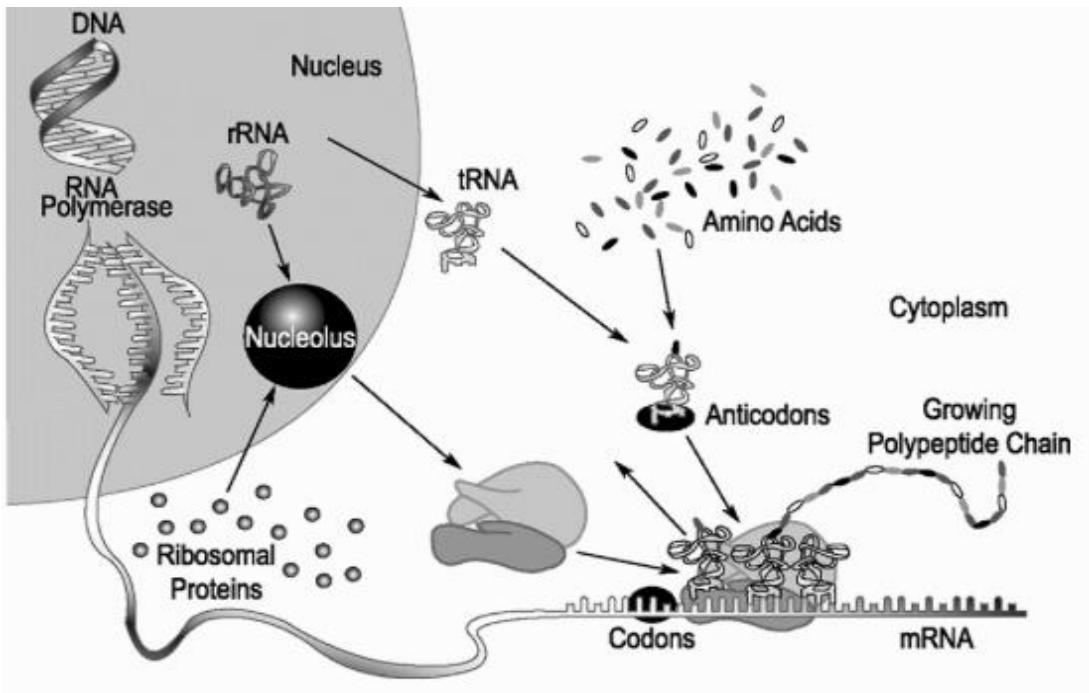


Figura 3. Diagrama del mecanismo de síntesis de proteínas (tomado de Darden, 2013, p. 22).

Para Machamer, Darden y Craver (2000), el mecanismo de la síntesis de proteínas corresponde al esquema abstracto conocido como el “Dogma central” de la biología molecular. En su versión sintética (como aparece en la Figura 2) puede observarse que, mediante flechas, se representan los flujos de información desde los ácidos nucleicos hasta las proteínas. Por otro lado, Darden (2013) presenta una versión con mayor detalle de la síntesis proteica que permite identificar la estructura y organización de las entidades participantes al interior de una célula eucariota, indicando con flechas sus movimientos y estadios temporales (Figura 3). En él se

particularidades que resaltan, o debido el grado de profundidad o de conocimiento con que se trata un ítem (Casanueva y Madrigal, 2016).

destacan las diferencias de tamaño entre los componentes del mecanismo (desde iones, monómeros, polímeros y hasta organelos celulares), la manera en que se organizan espacialmente (regionalización, estructura interna, orientación y conectividad), así como la organización temporal de las distintas actividades involucradas en la síntesis (esto dado que los procesos ocurren en un orden determinado y duración específica, y que algunos se presentan con cierta frecuencia o periódicamente se repiten).¹⁴

Los diagramas de las figuras 2 y 3 permiten notar que determinadas subestructuras de un diagrama se encuentran organizadas en módulos funcionales, los cuales pueden aparecer en otros diagramas con distintos grados de detalle. Estos módulos pueden ser plegados o desplegados en cualquier momento, como es el caso de la figura 3, que muestra desplegado el módulo “traducción” de la Figura 2. Un mismo esquema puede ser representado con diferentes grados de abstracción, abriendo o colapsando estos módulos, en donde el nivel de detalle incluido dependerá de los diferentes propósitos y limitaciones (tanto materiales como conceptuales) que se hagan presentes.

Si bien los mecanismos pueden ser exitosamente plasmados mediante narrativas o diagramas, el formato bidimensional de una representación pictórica es más adecuado que las descripciones obligadamente lineales de un texto. Esta bidimensionalidad es un asunto representacional importante, puesto que permite expresar de manera simultánea los diferentes componentes del mecanismo, sus

¹⁴ A pesar de estas sutilezas, el diagrama no destaca lo que habitualmente se consideraría la síntesis proteica propiamente dicha, es decir, el proceso que ocurre en el ribosoma en el cual se forma la proteína.

actividades y la relación entre ellos como un todo o en contacto con otras de sus partes.¹⁵

El NM reconoce la importancia de los diagramas y les otorga un papel destacado como herramientas para el razonamiento (Darden y Craver, 2002; Bechtel y Abrahamsen, 2005; Abrahamsen y Bechtel, 2015; Burnston, 2016).

Sobre esto, Bechtel señala que,

A pesar de que esas partes, operaciones, y su organización se pueden describir lingüísticamente, a menudo es más productivo representarlas mediante diagramas, con el texto sirviendo de comentario para guiar la interpretación de los diagramas (Betchel, 2011, p. 537).

Y es que,

Los diagramas tienen la ventaja de ser vehículos para mantener en mente las complejas interacciones entre las operaciones, [...] mientras que el texto no [...] El comentario detallado es importante, pero es el diagrama el que fija el mecanismo en la mente de quien lo lee [...] En parte [esta diferencia] deriva del hecho de que la información que puede ser sólo implícita en una representación lingüística puede hacerse

¹⁵ Sin mencionar que las superiores ventajas de las animaciones 3D o de los recorridos de realidad virtual. Éstos últimos ofrecen una experiencia inmersiva desde la pantalla del celular al interior de la célula, como el disponible en <https://www.youtube.com/watch?v=0A56uOVIuNM>, parte del proyecto XVIVO enfocado en la animación médica.

explícita, y así más sencilla de invocar en el razonamiento, en un diagrama (Bechtel y Abrahamsen, 2005, p. 427-29).

Hay que mencionar entonces que, para la explicación mecanicista, la utilidad de los diagramas reside en que permiten tanto la delimitación del fenómeno a ser explicado como la identificación de las relaciones explicativas (Darden y Craver, 2002; Abrahamsen y Bechtel, 2015).

5. Dos formas de entender *explicación*

Como se mencionó, desde el NM se rechaza el papel destacado que han recibido las leyes en torno a la explicación, pues considera que enfoques centrados en teorías, leyes y modelos no proporcionan una buena caracterización de los mecanismos (Bechtel y Richardson, 2010; Machamer; Darden y Craver, 2000; Craver, 2001; Craver y Darden, 2013; Darden, 2002, 2006; Darden y Craver, 2002; Glennan, 2002; Woodward, 2002; Tabery, 2004; Bechtel & Abrahamsen, 2005, 2007, 2011; Craver, 2008; Craver y Kaiser, 2013; Bechtel, 2011; Sheredos et al., 2013; Abrahamsen y Bechtel, 2015). Expresamente, esta postura toma distancia del modelo nomológico-deductivo, desde el cual se considera que una explicación puede ser representada como un conjunto de proposiciones en donde se realiza una inferencia, la cual va desde las leyes hacia los hechos o regularidades observadas (Hempel y Oppenheim, 1948; Nagel, 1964; Hempel, 1970). Los neomecanicistas son críticos con este enfoque puesto que pocas o ninguna ley cumple con el criterio de universalidad que lo caracteriza y estas generalizaciones, sostienen, en realidad se encuentran sujetas

a las condiciones de fondo que pudieran no mantenerse y de condiciones internas de los mecanismos que pudieran fallar.

El NM sigue a Salmon (1988), considerando que los mecanismos y no las leyes son los sistemas reales en la naturaleza, y defienden que dar una explicación es dar cuenta del mecanismo que subyace a un fenómeno determinado (Illari, 2013). Sostienen que por ello la explicación tiene un carácter constitutivo, pues explica un fenómeno al describir las partes que componen el mecanismo subyacente, y no etiológico, pues no se basa en la reconstrucción de la historia causal del fenómeno en cuestión (Craver, 2001; Glennan, 2009). Para los mecanicistas, el principal problema filosófico se refiere en gran medida a la caracterización o descripción de las estructuras *del mundo* a las cuales los modelos explicativos deben referirse para contar como genuinamente explicativos (Craver y Tabery, 2016). Para ello se pueden distinguir dos rutas: la de Craver y la de Bechtel. Además de tener énfasis diferentes en sus definiciones de *mecanismo*¹⁶, cada cual considera que la explicación tiene una naturaleza distinta, siendo *óptica* para Craver, y *epistémica* para Bechtel. De manera breve y de acuerdo con Illari (2013), el dilema es: o las explicaciones son porciones de un mundo independiente a la mente (de carácter óptico), o son algún tipo de asunto representacional (de carácter epistémico).

La postura óptica de Craver considera que *explicar* es referir a una porción objetiva¹⁷ de la estructura causal del mundo, de manera que se dé cuenta del

¹⁶ Como mencioné más arriba, en la regularidad de los cambios, para Craver, y en las funciones del mecanismo, para Bechtel.

¹⁷ *Objetiva* en tanto que considera es un hecho independiente de la mente de quien observa o concibe ese mecanismo y no una *sola* representación.

conjunto de factores (i.e. entidades y actividades) que producen o sostienen un fenómeno¹⁸. Explicar no es cuestión de crear representaciones, sino que se trata de señalar el mecanismo “en el mundo” responsable del fenómeno en cuestión, de manera que el mecanismo en sí es lo que explica. La explicación es entonces un hecho.

Esto contrasta con lo que propone Bechtel, puesto que, para él, la explicación está profundamente interesada por el entendimiento y es esencialmente una actividad humana, y por ello, la explicación tiene un carácter epistémico. Para Bechtel, las explicaciones mecanicistas son textos o descripciones que buscan incrementar el conocimiento acerca de los mecanismos. Esta visión epistémica considera que es el texto o la descripción lo que explica y no el mero mecanismo en la naturaleza. La explicación resulta así una representación.

La postura de Craver permite que mecanismos no descritos puedan seguir siendo entendidos como explicaciones de determinados fenómenos, puesto que ocupan un papel causal dentro del mundo sin importar que sujetos lea reconozcan (Craver 2012, p. 7). Bechtel consideraría que lo anterior no tiene sentido, puesto que los mecanismos existirían con anterioridad a su descubrimiento y a que permitieran la formulación de explicaciones científicas (Bechtel y Abrahamsen, 2005 p. 425).

La postura óptica prioriza la necesidad de que las explicaciones científicas reflejen la naturaleza de *la realidad*, quitando peso a las restricciones epistémicas; mientras que, desde un énfasis epistémico, lo más importante para una explicación mecanicista es construir un modelo cognitivo que sea entendible, comunicable y

¹⁸ De manera que Craver presenta el término *explicación* de manera muy similar a como pudiéramos emplear *causa*.

mentalmente manipulable, por lo que las restricciones ópticas acerca de la fidelidad con la realidad pierden peso.

Por otro lado, Illari (2013) considera que no se trata de elegir alguna de estas posturas para desechar la sobrante, sino que las explicaciones son porciones de un mundo con independencia de la mente a la par que algún tipo de cuestión representacional. Para la autora, las constricciones óptica y epistémica son ineliminables, ambas deben ser consideradas para generar una exitosa explicación mecanicista, ya que, sin la primera, no se explica la producción de un fenómeno por el mecanismo, y, sin la segunda, no se logra la comprensión esencial de la explicación. Me inclino hacia la posición de Illari.

Sin embargo, debo señalar que, considero, Craver se encuentra en una confusión metodológica al entender que son los mecanismos *en el mundo* quienes explican. El uso tan laxo que Craver hace del término “explicación”, haciéndolo aplicable para el concepto de “causa en el mundo”, resulta problemático ya que, si los mecanismos explicaran por sí mismos, la empresa científica sería de hecho innecesaria, puesto que las explicaciones no requerirían de ser formuladas por ningún sujeto o colectividad, sino que se encontrarían ya desenvolviéndose en el mundo. Si bien Craver considera que explicar un arcoíris, por ejemplo, tiene que ver con situar el fenómeno en la estructura causal del mundo, el desenvolverse de este conjunto de causas integrado por, digamos, gotas de lluvia y globos oculares, así como por formas e índices de refracción interactuando con la luz propagada desde el sol, etcétera, no explica por sí solo a este fenómeno meteorológico ya que no se desarrolla por su simple acontecer ningún modelo cognitivo, ya sea de corte etiológico, o constitutivo—como Craver prefiere. Concretamente, considero que un

uso tan vago del término podría perjudicar más de lo que abona puesto que oculta el trabajo de comprensión del sujeto necesario para el entendimiento, delimitación y representación del mecanismo. Más cercano a la línea de Bechtel, considero que es la presentación de un modelo lo que explica, el cual, a su vez, se encarga de postular la existencia del mecanismo.¹⁹ Sin embargo, mi postura continúa siguiendo la recomendación de Illari, puesto que comprendo que la explicación tiene una cara epistémica en el sentido en el que son los modelos quienes explican, pero, a su vez, estos modelos se encargan también de postular la existencia del mecanismo, cumpliendo así también con el aspecto óptico defendido por Craver. De este modo, entiendo la explicación como un asunto de carácter óptico-epistémico, correspondiéndose con un mecanismo que *realmente* actúa, así como con su formulación representacional. El matiz vendría en que, si bien estoy de acuerdo con que tanto aspectos ópticos como epistémicos son necesarios para dar una explicación en términos mecanicistas, a pesar de que los mecanismos ya se *encuentran en el mundo*, explicar es apelar a su existencia, lo que corresponde a apelar a un modelo.

6. Leyes y mecanismos

El NM parte del caso de las ciencias biológicas para afirmar que son los mecanismos quienes parecen jugar el rol que usualmente se ha dado a las leyes en las ciencias.

¹⁹ Siendo “modelo” una noción tan polisémica, vale la pena mencionar que la entiendo en su sentido lógico, es decir, como una interpretación que torna verdaderos los axiomas de una determinada caracterización (Casanueva, 2005). Profundizo sobre esta noción en el capítulo siguiente.

Consideran que para explicar, predecir y controlar un fenómeno se deben identificar más bien mecanismos, incluso si éstos no poseen las características de universalidad, necesidad inviolable ni alcance irrestricto idealmente atribuidas a las leyes.

En las últimas dos décadas, las posiciones se han movido poco desde la idea de que “la noción tradicional de ley universal de la naturaleza tiene pocas aplicaciones (si es que alguna) en la neurobiología o en la biología molecular” (Machamer et al., 2000, p. 7), hasta una posición que mira las cosas como una suerte de cambio gestáltico:

Desde ese punto de vista tradicional, es razonable preguntarse cómo exactamente es que el concepto de mecanismo, que desempeña muchas de las mismas funciones en el nuevo paradigma [mecanicista], se relaciona con el concepto de una ley de naturaleza (Craver y Kaiser, 2013, p. 126].

Pero, aunque se otorga la posibilidad de mirar desde el punto de vista centrado en leyes, se piensa que poco se gana con ello:

Los mecanicistas restan centralidad a las leyes en su pensamiento sobre la ciencia debido a que el viejo paradigma, centrado en leyes, se ha visto involucrado en debates intrascendentes y, como resultado, ha dejado de generar nuevas preguntas y producir nuevos resultados (Craver y Kaiser, 2013, p. 144).

Se considera que un marco descriptivo en términos de leyes y teorías, aporta poco pues el quid de la cuestión radica en la actividad de los mecanismos.

Las leyes pueden ser invocadas para caracterizar el funcionamiento general del mecanismo o algunas de sus operaciones, pero es el descubrimiento de que se llevan a cabo operaciones particulares lo requerido para especificar el mecanismo (Bechtel, 2011, p. 537).

Desde el NM, se considera que la explicación por mecanismos es algo distinto que no puede caracterizarse adecuadamente bajo la noción de ley (Machamer et al., 2000; Betchel, 2011; Schurz, 2014; Woodward, 2015). Defienden que una visión centrada en mecanismos tiene la ventaja, principalmente, del rescate de la particularidad, es decir, de reconocer y aceptar variaciones en un mecanismo—a diferencia de un enfoque estrictamente centrado en regularidades y generalizaciones.

Sobre esto, Craver y Kaiser (2013) sostienen que,

los biólogos típicamente caracterizan un mecanismo en una cepa particular de una especie particular (como en una *Drosophila* de tipo silvestre) y entonces reconocen que habrá sutiles variaciones en ese mecanismo en otras cepas, mutantes y especies. Ellos no se encuentran en la búsqueda de enunciados legaliformes generales que cubran todos esos casos, sino de conjuntos de modelos prototípicos que mantengan un parecido de familia entre ellos (Craver y Kaiser, 2013, p. 134).

Como se sugiere en el párrafo anterior, desde el NM se critica específicamente una noción de ley basada en el sentido estricto del modelo nomológico deductivo (Hempel y Oppenheim, 1948; Nagel, 1961; Hempel, 1965), en donde las leyes tienen las problemáticas cualidades de ser universales (sin genuinas excepciones), verdaderas (en tanto sostenidas empíricamente), generales (no locales), y con un alcance ilimitado. Problemáticas en tanto que, de interpretar *ley* en este rígido sentido, casi todas las generalizaciones científicas resultarían más bien accidentes y contingencias y no necesidades naturales, pues estos criterios difícilmente se cumplen (Leuridan, 2010). Es por ello que los neomecanicistas insisten en que la centralidad de las leyes ha dejado de ser productiva y los mecanismos en rescate de la particularidad parecerían más adecuados. Y, de acuerdo con ellos, los científicos estarían de acuerdo:

Los mecanicistas regularmente notan que el término “ley” está descriptivamente fuera de lugar en las ciencias biológicas. Los biólogos y otros científicos de rango medio (neurocientíficos, fisiólogos, psicólogos, etc.) parecen evitar el término “ley” y concebir su trabajo más bien en términos del descubrimiento de mecanismos (Craver y Kaiser, 2013, p.126).

Estoy del lado de la crítica mecanicista al afirmar que la noción tradicional de ley no funciona en la biología, en donde raramente—si es que alguna vez—se

presentan estas generalizaciones universales y sin excepción.²⁰ También considero que el concepto de “mecanismo” y la manera de entender la explicación mecanicista tienen un aporte conceptual significativo. Sin embargo, no comparto el entusiasmo alrededor de la idea de que los mecanismos permiten sepultar la noción de ley.

Para desarrollar este planteamiento, quiero introducir el aporte de la filósofa de la ciencia Sandra Mitchell (1997; 2000) y afirmar con ello que hay también interpretaciones alternativas a la visión estricta de ley y que los mecanismos no escapan tan fácilmente de la regularidad y generalización como sus autores lo plantean.

De manera similar al NM, Mitchell parte de observar que el criterio de legalidad estricta es demasiado restrictivo, al menos con respecto a la biología y quizá también con otras ciencias. En lugar de rechazar el concepto de ley, la autora se propone a refinarlo.

El enfoque elaborado por Mitchell no se distancia radicalmente del sentido tradicional de ley. Sin embargo, la principal diferencia (y la más interesante) es que agrega un criterio gradual con el que clasifica a las generalizaciones legaliformes. Éste se basa en considerar que todas las *leyes de naturaleza* en biología son

²⁰Como bien lo expresó Ernst Mayr hace casi cuatro décadas: “Hoy en día, la palabra ley se usa con moderación, si acaso en la mayoría de los escritos sobre la evolución. Las generalizaciones en la biología moderna tienden a ser estadísticas y probabilísticas y a menudo tienen numerosas excepciones. Además, las generalizaciones biológicas tienden a aplicarse a dominios restringidos geográficamente o de algún otro modo. Se puede generalizar a partir del estudio de las aves, los bosques tropicales, del plancton de agua dulce o del sistema nervioso central, pero la mayoría de estas generalizaciones tienen una aplicación tan limitada que el uso de *ley* mundial, en el sentido de las leyes de la física, es cuestionable” (Mayr 1982, p. 19).

contingentes en dos sentidos: i) en tanto que son lógicamente contingentes (no cumplen la requerida universalidad en espacio y tiempo); y ii) en que estas regularidades son producto de la contingencia en tanto que dependen de ciertas condiciones de los contextos en los que se desenvuelven y que además poseen una forma histórica de la que depende su estabilidad. Mitchell extiende estas características incluso hasta las leyes de la física, cuando afirma:

Que la ley de Galileo de la caída libre describa verdaderamente las relaciones de los cuerpos en nuestro mundo requiere que la masa de la Tierra sea tal como es. Si, por ejemplo, el núcleo de la tierra fuera de plomo en lugar de hierro, la aceleración cuantitativa sería cuatro veces mayor de lo que es (aunque seguiría siendo una relación inversa cuadrada). Que la Tierra esté configurada de la manera que lo está es el resultado del origen del universo, la creación de las estrellas y los planetas. En general, hay condiciones en nuestro mundo sobre las cuales depende la verdad de las leyes, como la ley de la caída libre de Galileo. Todas ellas podrían haber sido de otra manera. Este es el caso sin importar si esas condiciones son o no resultado de episodios particulares de evolución biológica y están sujetas a nuevas modificaciones, o si son condiciones que fueron fijadas en los primeros tres minutos del nacimiento del universo. Sea lo que sea que uno crea, las leyes científicas describen nuestro mundo, no un mundo lógicamente necesario. Todas las leyes son lógicamente contingentes (Mitchell, 2000, p. 251).

De esta manera propone que la diferencia entre las generalizaciones en física y las de la biología es inadecuadamente capturada por la dicotomía necesidad-contingencia, pues la pregunta central no es cuáles de estas generalizaciones son contingentes, sino cómo y en qué medida lo son. La diferencia propuesta por Mitchell es de grado y no categórica.

Lo anterior es más fácil de asimilar si localizamos las diferentes generalizaciones legaliformes en el *continuum* de contingencia que propone Mitchell (2000), pudiendo pensar así las distinciones en la gradación:

Leyes ideales (que resultan a la vez contingentes, universales y verdaderas²¹)

- Ley de la conservación de la masa-energía
- Ley de la conservación de la masa
- Segunda Ley de la Termodinámica
- Ley periódica
- Ninguna esfera de ²³⁵U tiene un diámetro mayor a 100 metros
- La ley de la caída libre de Galileo
- Ninguna esfera de oro tiene un diámetro mayor a 100 metros
- La ley de la distribución independiente de Mendel
- Todas las monedas en la bolsa de Goodman están hechas de cobre

Generalizaciones accidentales

Siguiendo a Leuridan (2010), rescato el aporte de Mitchell para insistir en que los mecanismos no pueden escaparse tan fácilmente de entender a las leyes no en un sentido estricto, sino de manera pragmática.

²¹ Esto último en tanto que presentan correspondencia empírica.

Además de introducir la escala de contingencia, la autora matiza el concepto de ley natural para afirmar que una generalización es una ley pragmática si permite la predicción, explicación y manipulación, incluso si no logra satisfacer los criterios tradicionales. Para cumplir con estos fines, debe describir una regularidad estable, pero no necesariamente estricta²². Un aspecto importante es que para cumplir con la predicción, explicación y manipulación estas generalizaciones deben tener la capacidad de ser proyectadas, esto ya que su función es la de brindar expectativas acerca de la ocurrencia de eventos y patrones de propiedades. Dado que estas generalizaciones no son universales, debemos saber cuándo y en qué contextos históricamente formados aplican, y en qué casos no.

Este matiz es crítico con la manera de interpretar ley del modelo nomológico deductivo y parecería librar la crítica neomecanicista sin necesidad de desechar la noción de ley, pues el enfoque gradual de contingencia y su entender pragmático de las leyes dejan de lado la necesidad y universalidad, así como la aplicación ilimitada tan criticada por el NM.

Por otro lado, es importante señalar que el enfoque de Mitchell es también útil para entender que una visión centrada en mecanismos no escapa tan fácilmente de la regularidad, y así de la noción de ley que le acompaña. Como bien señala Leuridan (2010):

- i) los mecanismos son ontológicamente dependientes de regularidades

²² Bajo este enfoque, las leyes, en tanto regularidades, describen conjunciones de eventos actuales y contingentes que persisten en el mundo—a partir de las cuales pueden formularse generalizaciones—y no estructuras intransitivas ajenas a él (Mitchell, 1997; 2000).

estables.

- ii) los modelos de los mecanismos son epistemológicamente dependientes de las leyes pragmáticas.

Leuridan sostiene que la dependencia ontológica de los mecanismos con respecto a la existencia de las regularidades se presenta tanto en un nivel macro como en el micro. Es decir, x no puede contar como un mecanismo a menos que produzca algún comportamiento macronivel que se mantenga con regularidad para dar sostén al fenómeno en cuestión. Además, para producir ese comportamiento regular macronivel, este x debe depender de regularidades presentes a un micronivel que conserven estable al mecanismo.

Por otro lado, los mecanismos dependen de la regularidad también a nivel epistémico pues no pueden desprenderse de la proyección. Esto porque uno pensaría que las y los científicos rara vez investigan mecanismos singulares (*token*), sino que se encontrarían mucho más interesados en mecanismos generales (*type*) para cumplir con la labor que los mismos neomecanicistas identifican para la ciencia: la de explicar, predecir y controlar fenómenos. Y una vez que comenzamos a hablar de “tipos” de mecanismos, estamos de vuelta formulando regularidades generales, asociadas a la noción de ley, acerca de cómo los mecanismos funcionan.

Podemos ejemplificar lo anterior a partir de observar el trabajo de Morgan y sus colaboradores, principalmente a partir de los hallazgos en moscas de la fruta (Morgan et al. 1915/2009), pues explicaron conductas definidas de nivel macro (relaciones fenotípicas definidas en las siguientes generaciones de organismos) al referirse a los comportamientos (segregación independiente, entrecruzamiento, interferencia, etcétera) de un conjunto complejo de partes o entidades (gametos,

cromosomas, factores o genes, etcétera). Sin embargo, ellos no estaban interesados solamente en las moscas de la fruta en sus laboratorios, sino que perseguían el mecanismo de la herencia en *Drosophila*, así como en otras especies. A medida que fue acumulándose evidencia, tanto la herencia mendeliana como el mecanismo cromosómico subyacente se consideraron cada vez más un fenómeno general. Al final, la teoría hereditaria formulada por Morgan no tenía referencia a ninguna especie específica y la descripción del mecanismo se realizó de manera abstracta (Leuridan, 2010).

El ejemplo de Morgan muestra que hablar en términos de leyes, asociado a las nociones de regularidad y generalización, es compatible con un enfoque centrado en mecanismos, y que la descripción y explicación en ciencias de la vida que de ellos deriva no puede separarse de la noción de proyección, como concluye Leuridan. Esto, junto con la incorporación de la contingencia de Mitchell expuesta más arriba, muestran que la crítica neomecanicista a la noción de ley parecería no resolverse tan fácilmente dando la victoria al mecanismo si matizamos la noción tradicional.

Si el enfoque de Mitchell no nos pareciera suficiente, el filósofo realista Roy Bhaskar presenta una forma de compatibilidad mecanismo-ley. En un sentido parecido al del NM y al de Mitchell, Bhaskar también considera que la visión tradicional de ley resulta problemática y se encamina a expandirla con su propuesta conocida como Realismo Trascendental (Bhaskar, 1975). A diferencia de Mitchell, Bhaskar considera las leyes se identifican no con conjuntos de regularidades en el mundo sino con las estructuras (o mecanismos) objetivas que son generadoras de estas regularidades, las cuales existen con independencia de los seres humanos y de su ciencia.

Bajo este enfoque, los mecanismos generadores no solamente pueden existir aun sin testigos humanos, sino que poseen también independencia de los patrones actuales de eventos y además se desfazan constantemente de ellos. Se entiende que las leyes causales, y los mecanismos generadores que las fundamentan, son categóricamente independientes de los patrones de eventos observables, de manera que es posible admitir que las leyes permanecen aún cuando los patrones esperados a partir de su ejecución no tengan lugar en el desenvolverse cotidiano. Para Bhaskar, como lo sintetiza Aréchiga (1987, p. 40), "la no actualización de una ley no implica ni su no-existencia ni su no-universalidad".

Se considera que citar una ley es hacer alguna afirmación acerca de los mecanismos generadores de las tendencias en las secuencias de eventos. Por otro lado, la teoría no es una forma de referir a la experiencia, sino una manera de referirse a las estructuras hipotéticas internas del mundo que la experiencia puede falsar o confirmar. Hay que mencionar también que el papel del experimento es el de permitir acceder a las estructuras intransitivas de los mecanismos generadores, puesto que se generan sistemas cerrados (aquéllos en donde un evento x siempre acompaña a un evento y) que permiten aislar los mecanismos de la cotidiana interacción con múltiples elementos, procesos, y otros mecanismos, propios de los sistemas abiertos en los que usualmente se desenvuelven.

Se deja claro bajo este enfoque que las teorías no son intentos de describir el mundo, sino que se encargan de especificar la estructura profunda en relación a la experiencia y a la actualidad. Las teorías sitúan límites, pero no dictan lo que dentro de ellos pasa, permitiendo cierta apertura—al menos parcial—en el campo de los fenómenos ordinarios. Al ubicar a los mecanismos generadores fuera del contexto de

lo actual, éstos perduran a pesar de no estar manifiestos, por lo que, de comportarse el mundo de manera contraria a lo establecido por una teoría, ésta no se anula.

Esta visión que destaca el papel de los mecanismos sin desechar la noción de ley, es similar al NM pues considera que dar una explicación consiste en la descripción de un mecanismo, ya que afirma que “de entre todas las explicaciones plausibles de una regularidad, se preguntará por aquélla que describe correctamente el mecanismo que, en ciertas condiciones, tiende a producir el evento” (Aréchiga, 1987, p. 56).

Independientemente de elegir el camino de Mitchell o el de Bhaskar—que ejemplifican un debate profundo en la filosofía de la ciencia²³—se apunta que la crítica neomecancista que supone la imposibilidad de describir mecanismos en términos de leyes y teorías debe seguir lidiando con conceptos como generalidad, proyección, necesidad y universalidad, junto con la noción de ley que les acompaña.

Finalmente—y sobre ello ahondaré en el próximo capítulo— he de mencionar que los mecanismos pueden ser capturados y descritos bajo otro enfoque centrado en teorías que, independientemente de un enfoque pragmático o realista, como los

²³ Me refiero a la discusión entre el enfoque de la regularidad y el de la necesidad de las leyes. El primero, cercano a Mitchell, podría generalizarse entendiendo a las leyes como un tipo especial de sumario descriptivo de lo que actualmente ha pasado y puede pasar, mientras que el segundo, ejemplificado por Bhaskar, entiende que las leyes son aspectos objetivos y reales del mundo (Curd y Crover, 1998). El enfoque de la regularidad es principalmente cuestionado por la dificultad para distinguir entre generalizaciones auténticas y meros accidentes, una cuestión que Mitchell soluciona introduciendo con su escala de contingencia; por otro lado, al enfoque de la regularidad se le cuestiona, entre otras cosas, las excepciones a su universalidad, que Bhaskar atiende apelando a la gran cantidad de elementos y procesos en interacción en los sistemas abiertos.

que recién enuncié, o del rechazo del NM, facilita reconocer los aspectos más destacados de la explicación neomecanicista. Éste permite realizar reconstrucciones de la estructura lógico-conceptual de los mecanismos que dotan de gran precisión conceptual y facilita reconocer la ruta de la explicación mecanicista. Conocido como Enfoque Grafo-modelo y desarrollado a partir del conocido como Estructuralismo Metateórico, pertenece a la llamada familia semanticista, la cual identifica teorías—y en este caso mecanismos—con una cierta clase de modelos formulados como una estructura en el lenguaje de la teoría matemática de conjuntos. Con reserva de los detalles que me permitiré mostrar en el siguiente capítulo, he de mencionar que estos modelos teóricos se presentan como una tupla ordenada constituida por dominios y funciones que deben satisfacer una serie de constricciones propias de la teoría (tanto estructurales como funcionales). Tales constricciones son denominadas leyes. A pesar del parecer neomecanicista, Alleva, Díez y Federico (2012) utilizaron el caso del alosterismo para mostrar que es posible realizar una reconstrucción de la estructura conceptual del mecanismo a partir de la propuesta original de Monod, Wyman y Changeux (1965), bajo un marco estructuralista que reconoce entidades (dominios) y actividades (relaciones) y determinadas constricciones entre ellos, pudiendo enunciar a partir de ello una ley general que especifica el funcionamiento del mecanismo. De esta forma, las leyes generales para los mecanismos son entendidas en un plano epistémico como restricciones existenciales elaboradas con ciertos recursos teóricos que fijan una familia determinada de modelos.

Sumándome al espíritu de Alleva, Díez y Federico, me he valido de esta herramienta representacional para reconstruir el icónico mecanismo de la síntesis de

proteínas en términos modelo-teóricos, formulando así la ley correspondiente para este mecanismo.

Capítulo III

Herramientas Metodológicas: Grafo-Modelo

0. Consideraciones preliminares

Como mencioné anteriormente, y como el título de la investigación sugiere, tengo como objetivo realizar la reconstrucción del mecanismo de síntesis de proteínas. Para llevar a cabo esa tarea me valdré de una herramienta de análisis metateórico conocido como la Concepción Grafo-Modelo.

Con la siguiente descripción metodológica intento trazar un panorama bastante general del programa estructuralista que me permita dar entrada a la Concepción Grafo-Modelo ²⁴. Esta descripción ha sido elaborada con los textos de Balzer *et al.* (1987), Moulines (1982), Casanueva (2003; 2005; y 2009) y Méndez (2012) como principales guías. ²⁵

1. El programa estructuralista

1.1 Contexto

²⁴ En caso de requerirlo, una presentación bien detallada de la misma puede consultarse en Balzer, Moulines y Sneed (1987).

²⁵ Es importante mencionar que, a diferencia del estructuralismo metateórico, la concepción grafo-modelo no cuenta con un libro de texto al cual referir en busca de una descripción detallada del método, sino que se encuentra fragmentada en diversas publicaciones de Mario Casanueva y Diego Méndez. He realizado un esfuerzo por recuperar lo más destacado de la concepción de acuerdo a los intereses de la reconstrucción que aquí me planteo.

He de iniciar con una introducción al programa desarrollado por Balzer, Moulines y Sneed dado que la Concepción Grafo-modelo, herramienta de análisis en el presente proyecto, se basa y desarrolla a partir de la llamada Concepción Estructuralista de las Teorías (Balzer, Moulines y Sneed, 1987; Díez y Moulines, 1997; Moulines, 1982).

Este enfoque, también conocido como Estructuralismo Metateórico, ha sido calificado como el análisis más preciso de los aspectos conceptuales de una teoría (Casanueva y Méndez, 2012). Una afirmación que se encuentra respaldada por célebres nombres dentro de la filosofía de la ciencia, como el de la distinguida pensadora Nancy Cartwright, quien, en su crítica a este enfoque metateórico no deja de reconocer que “los estructuralistas alemanes indudablemente ofrecen el tratamiento más satisfactoriamente detallado y bien ilustrado de la estructura de las teorías científicas disponible” (Cartwright, 2008, p. 65). Otra personalidad que ha reconocido la calidad del trabajo estructuralista es el autor de *La Estructura de las Revoluciones Científicas*, Thomas S. Kuhn, quien considera que los estructuralistas han recogido y puesto de manera más clara algunas de sus ideas centrales, y sostiene que “las líneas generales del nuevo [formalismo de Sneed] muestran un notable parecido con el mapa que había bosquejado anteriormente (...) Stegmüller, aproximándose a mi trabajo, a través de Sneed, lo ha entendido mejor que cualquier otro filósofo” (Kuhn, 1977, p. 179).

Además de estas loas, el programa estructuralista cuenta con el apoyo de una buena cantidad de trabajo acumulado y, comparada con otras escuelas filosóficas dedicadas a la representación de teorías científicas, puede presumir tener un mejor

registro de teorías reconstruidas provenientes de campos muy diversos (Méndez, 2012).

Inicialmente, debemos mencionar que el Estructuralismo Metateórico se distancia de una metodología casi exclusivamente sintáctica-formal en el análisis de las teorías científicas. Es decir, manifiesta una profunda desconfianza hacia la consideración de que una teoría científica es un conjunto de enunciados y se resiste a considerar que las teorías deben ser tratadas como entidades lingüísticas. Por precisar con un ejemplo, de preguntar a algún *sintacticista*, ¿qué es la aritmética (qua teoría)? Éste apuntaría hacia la siguiente lista correspondiente a los cinco axiomas de Peano:

1. El 1 es un número natural. 1 está en N , el conjunto de los números naturales.
2. Todo número natural n tiene un sucesor n^* .
3. El 1 no sucede a algún número natural.
4. Si hay dos números naturales n y m con el mismo sucesor, entonces n y m son el mismo número natural.
5. Si el 1 pertenece a un conjunto de números naturales, y dado un elemento cualquiera, el sucesor también pertenece al conjunto, entonces todos los números naturales pertenecen a ese conjunto. Este axioma es el principio de inducción matemática.

Para la concepción sintacticista, estudiar una teoría científica, sin importar su rama, es estudiar el sistema de enunciados en ella. Con este proceder se caracteriza a la llamada fase “clásica” de la filosofía de la ciencia, anterior al estructuralismo (Moulines, 1982; 2011). El sintacticismo jugó un papel importante en la filosofía de la ciencia durante las primeras décadas del siglo veinte, siendo la concepción

compartida por reconocidos personajes dentro de la disciplina, entre las que destacan Rudolph Carnap y Carl Hempel, miembros del grupo científico y filosófico conocido como *Círculo de Viena*; Karl Popper, autor de la influyente obra *La Lógica de la Investigación Científica*; y Thomas Nagel, célebre por su ensayo crítico a los estudios reduccionistas sobre la mente "*What Is it Like to Be a Bat?*" (1974).

A pesar del prestigio que pudiera darle la adherencia de grandes figuras, el sintacticismo resulta insuficiente para la reconstrucción de teorías científicas. En palabras de Balzer, Moulines y Sneed, en su propuesta de *arquitectónica para la ciencia*: "nuestro tratamiento de la estructura del conocimiento, sin embargo, requiere algo más que enunciados y relaciones lógicas entre ellos" (Balzer *et al.*, 1987 p. 25). Desde la Concepción Estructuralista se considera que el sintacticismo tiene serios asuntos que atender, puesto que identificar a las teorías como conjuntos de enunciados lleva a problemas contraintuitivos²⁶, esto sumado al hecho de que las teorías resultan construcciones con una estructura más sofisticada que el de un simple listado.

Para la Concepción Estructuralista, los elementos mínimos del análisis estructural de las teorías no son los conceptos entendidos de manera *atómica* ni tampoco los enunciados, sino sus modelos. Esto ya que el significado de un término depende del contexto en el cual se inserta, es decir, que la forma en que se usan los términos es lo que determina su significado, pues éstos toman sentido en relación con otros. Para el estructuralismo, el significado de los términos no puede

²⁶ Por ejemplo, en caso de presentarse dos formulaciones de una teoría cuyos axiomas sean distintos, aunque sean lógicamente equivalentes, de acuerdo a la concepción sintacticista, estamos obligados a decir que se trata de dos teorías distintas y no de dos formulaciones de la misma teoría.

entenderse aisladamente, sino que implica reconocer su uso dentro de una teoría dada, de manera que la relación de significado es una relación que podríamos denominar “holista”.

El estructuralismo aparece como una respuesta frente a los impedimentos identificados en una visión sintacticista de las teorías y su desarrollo ocupa aproximadamente las últimas tres décadas del siglo veinte. Este enfoque es heredero del trabajo de una colección de diferentes autores y corrientes con una orientación que podría denominarse *modelística* (Moulines, 20011 § 6), la cual, más que ser una colección homogénea, consta de una diversidad de enfoques bajo el común interés de reinterpretar la noción de *teoría* bajo un marco semántico, en donde el concepto de *modelo* es fundamental. Para el estudio de las teorías, el estructuralismo se ha encargado de desarrollar un aparato conceptual complejo a partir del trabajo de pioneros en el enfoque modelo-teórico como Patrick Suppes.

Inspirado en las ideas del lógico Alfred Tarski y el trabajo del grupo Bourbaki, Suppes reinterpreta las teorías a partir de un método que denominó *axiomatización por medio de un predicado conjuntista*. Dejando de lado la lógica de predicados de primer orden, Suppes favoreció la utilización de la teoría matemática de conjuntos, con la cual, en 1953, fue co-responsable de la primera reconstrucción en estos términos, realizando la axiomatización conjuntista de la mecánica clásica de partículas (McKinsey y Suppes, 1953). A partir del trabajo de Suppes, los filósofos Joseph D. Sneed y Wolfgang Stegmüller desarrollaron un aparato conceptual de análisis de las ciencias empíricas de mayor sofisticación, como puede verse en sus obras *The Logical Structure of Mathematical Physics* (Sneed, 1971) y *The Structuralist View of Theories: A Possible Analogue of the Bourbaki Programme in*

Physical Science (Stegmüller, 1979). Este trabajo de articulación al interior del estructuralismo llevó a la aparición de la obra de Balzer, Moulines y Sneed: *An Architectonic for Science*, publicación en donde se define el programa estructuralista (Balzer et al. 1987).²⁷

Además de este brevísimo recorrido, es importante reconocer que la Concepción Estructural debe mucho al filósofo analítico Rudolph Carnap ya que de su trabajo hereda la confianza en los métodos e instrumentos formales como medio de análisis, siendo éstos su fuente de claridad y precisión conceptual. También hay que destacar la influencia de del enfoque historicista de Kuhn, y en menor medida de Imre Lakatos, pues el estructuralismo asume que las teorías son entidades sujetas a una evolución histórica, por lo que el instrumento de análisis no puede solamente considerarlas como un conjunto estático de enunciados, sino que debe tomar en cuenta su susceptibilidad al cambio. Además, la polisémica noción de *paradigma* es rescatada por el estructuralismo y precisada bajo el nombre de principios-guía, reconociendo tres aspectos destacados por Kuhn: i) que el contenido del paradigma es más una promesa de futuros éxitos científicos que una realización palpable, ii) que los paradigmas dan lugar a la extraña clase de actividad de Kuhn llama “resolución de rompecabezas”, y iii) que los paradigmas resultan esencialmente irrefutables por la experiencia (Moulines, 2011).

²⁷ Posteriormente a esta seminal obra se ha dado continuidad al trabajo de articulación al interior del estructuralismo, cuya producción puede apreciarse en la compilación de Peris-Viné (2012) o en los diferentes textos que componen el volumen 3 número 5 de la revista *Stoa* de 2012 (disponible en: <http://www.uv.mx/stoa/files/2012/07/Stoa5.pdf>), ambas colecciones reflejo del trabajo realizado por sus miembros dentro (y fuera) de los encuentros estructuralistas.

1.2 Modelos y la concepción estructuralista

El estructuralismo tiene como idea básica, común a los otros enfoques modelísticos, que la manera más conveniente de interpretar una teoría científica es entenderla como una familia de modelos. La forma en que los estructuralistas interpretan este polisémico término deriva de la teoría matemática de modelos, derivada del trabajo de A. Tarski en la década de 1930. A partir de ella, se entiende que un modelo para una teoría T dada, es una realización posible en la cual todos los enunciados válidos de una teoría T son satisfechos (Tarski, 1954), o, de manera más extensa,

Uno de los conceptos que pueden ser definidos en términos del concepto de satisfacción es el de modelo. Asumamos que en el lenguaje estamos considerando que ciertas variables se corresponden con cada constante extra-lógica, y de tal manera que cada enunciado se convierte en una función enunciativa si las constantes en ella son remplazadas por las variables correspondientes. [...] Una secuencia arbitraria de objetos que satisfacen cada función enunciativa de la clase L' será llamada un modelo o una realización de la clase L de enunciados (Tarski, 1936/1983, p. 416-17).

Una teoría tiene normalmente un gran número de modelos diferentes, los cuales tienen en común el compartir, hasta un cierto punto, *la misma estructura*. Razón a la que la Concepción Estructuralista debe su nombre.

De una manera más precisa, debemos decir que el estructuralismo sigue línea de la tradición Tarski-McKinsey-Suppe, en donde se concibe a los modelos como tuplas ordenadas de una forma muy específica que incluye dominios y relaciones entre ellos, como puede quedar ilustrado de la siguiente manera:

$$m = \langle D_1, D_2, \dots, D_k, R_1, R_2, \dots, R_n \rangle$$

Aquí, las D_i representan los dominios base y los R_i son relaciones (funciones) construidas sobre los dominios base. De esta manera se fijan los conjuntos de objetos que la teoría admite como “reales”, mientras que las funciones determinan las relaciones admitidas entre los objetos de estos diversos conjuntos. Además, es importante agregar a estos dominios y relaciones, una serie de condiciones formales que determinan el “marco conceptual” de la teoría, es decir, un cierto número de condiciones que, cuando son satisfechas, hacen posible afirmar que la estructura en cuestión es un *modelo potencial* de la teoría.

Un modelo es *potencial* en el sentido en que fija un marco para concebir la realidad sin que tengamos aún garantizado que nos será útil para la representación de algunos de sus aspectos sustanciales, para la construcción de explicaciones o para hacer predicciones. Es cuando un modelo satisface, además de estas condiciones marco, ciertos axiomas o postulados propios de la de la teoría, que se denomina *modelo actual*. Por otro lado, se utiliza el concepto de *modelos potenciales parciales* para nombrar a aquellas estructuras que se corresponden con las de los modelos potenciales, exceptuando aquellas formuladas utilizando conceptos propios de la teoría en cuestión.

Esta distinción entre modelos potenciales y modelos potenciales parciales implica distinguir entre dos niveles: el de los términos T-teóricos y T-no teóricos. En la concepción estructuralista los términos T-teóricos son dependientes de la teoría T en cuestión, en el sentido de que su significado depende de ella. Esta dependencia reside en que la determinación de los términos T-teóricos presupone la aplicabilidad de T, es decir, la validez de sus leyes. Los términos T-teóricos dependen de la existencia de modelos actuales de T. Como las teorías no son entidades que se auto-comprueben (cayendo así en un problema de circularidad), no todos sus términos son T-teóricos. Encontraremos también términos cuya aplicación no presupone la validez de la teoría en cuestión, de modo que son determinados por otras teorías. Estos se conocen como términos T-no teóricos y se determinan sin suponer la aplicación de la teoría T, es decir, no dependen de la aplicación de las leyes generales de T, y por ello tampoco de sus modelos actuales. Vale la pena mencionar que esta distinción es relativa a cada teoría T dada, es decir, lo que es T-teórico con respecto a una teoría T puede ser T'-no-teórico con respecto a otra teoría T'.²⁸

Con la intención de ejemplificar lo anteriormente descrito, se presenta en seguida la reconstrucción estructuralista de la Teoría Unigamética de la Fecundación (TUF), en una versión elaborada a partir de la original de Casanueva (2003).

La reconstrucción de los modelos potenciales parciales de la TUF, tiene la siguiente forma:

$m \in \text{Mpp}(TUF) \text{ sys} \exists !^n: H, M, O, E, C, T, \lambda, \eta, \omega, \kappa, \delta$ tales que:

²⁸ Una discusión detallada sobre la T-teoricidad puede observarse en Gonzalo (2012).

- (0) $m = \langle H, M, O, E, C, T, \lambda, \eta, \omega, \kappa, \delta \rangle$
- (1) H, M, O, E, C y T son conjuntos no vacíos y finitos
- (2) T es isomorfo con un segmento inicial de los Naturales. $1 < \#(T) < \aleph_0$
- (3) H, M, O, E, C y T son ajenos entre sí.
- (4) $\lambda: T \rightarrow \wp(\cup(H, M, O, E, C))$
- (4.1) $\forall x \in \cup(H, M, O, E, C), \exists! t \in T$ tal que $x \in \lambda(t)$
- (5) $\forall t \in T, \eta: M \cap \lambda(t) \rightarrow \wp(E \cap \lambda(t))$
- (5.1) $\forall e \in E, \exists! x \in M$ tal que: $e \in \eta(x)$
- (6) $\forall t \in T, \omega: H \cap \lambda(t) \rightarrow \wp(O \cap \lambda(t))$
- (6.1) $\forall o \in O, \exists! x \in H$ tal que: $o \in \omega(x)$
- (7) $\forall t \in T, \kappa: C \cap \lambda(t) \rightarrow (H \cup M) \cap \lambda(t)$
- (8) $\forall t \in T, \delta: ((H \times M) \cap \lambda(t) \rightarrow (\wp(H \cup M)) \cap \lambda(t+1))$

Estos axiomas pueden ser cumplidos por una gran cantidad de modelos, incluso por aquéllos puramente matemáticos y no deseados entre las aplicaciones de la teoría empírica determinada, pero que resultan igualmente legítimos desde el punto de vista formal. Para orientar la interpretación correcta de estos axiomas,

conviene incluir axiomas de interpretación como los siguientes, que permitan demarcar las *aplicaciones intencionales* de la teoría.²⁹

(0) Aquí se presenta, mediante una estructura matemática a la manera de la Teoría Matemática de Modelos, la estructura de la teoría, la cual se encuentra formada por estas determinadas entidades y funciones (representadas con latinas y griegas, respectivamente).

(1) Es aquí donde comienza la caracterización de las entidades y funciones en términos conjuntistas, en donde el conjunto H representa la noción de hembra,

²⁹ *El dominio de las aplicaciones intencionales* propuesto por la Concepción Estructuralista, busca atender el problema general de la interpretación de los modelos de cualquier teoría empírica, puesto que se diferencia de las teorías matemáticas en tanto que el aparato formal se aplica a una cosa externa a él, a fenómenos que se supone existen independientemente del aparato formal. El problema consiste en que, de acuerdo con la manera en que el programa estructuralista se ha introducido, puede entenderse que cualquier teoría tendrá un gran número de modelos, y no solamente uno. Y vale la pena mencionar que muchos de estos modelos (esto es, que satisfacen la estructura formal de la ley de una teoría T dada) no estarán dentro de las aplicaciones deseadas de alguna determinada teoría empírica, sin embargo, son igualmente legítimos desde el punto de vista formal. Esta cuestión puede incluso comprender a modelos “puramente matemáticos”. De no especificar los modelos intencionales de cualquier teoría, al no imponer restricciones sobre la gigantesca variedad de modelos potenciales y actuales, esta puede referirse a *cualquier conjunto* de objetos de *cualquier género*. Por esta razón, para determinar de manera precisa los sistemas del mundo a los cuales hace referencia una teoría empírica dada, es decir, sus *aplicaciones intencionales*, hay que añadir un componente *intencional* que permita identificar tales sistemas, es decir, que nos indique cuál es *la interpretación correcta* de los términos usados por la teoría. Para realizar esta identificación, las aplicaciones pretendidas son individualizadas y descritas haciendo uso sólo del vocabulario T-no-teórico.

el M la de macho, el O la de óvulo, el E la de espermatozoide, el C la de cigoto a partir del cual deriva un individuo, y T que representa una noción de tiempo en generaciones. Todos estos conjuntos son no vacíos y finitos.

(2) Aquí se encuentra especificado que la noción de tiempo a emplear debe permitir contar las generaciones. Se enuncia que tiene la misma estructura que los Naturales, deben considerarse al menos dos generaciones (por lo que debe ser mayor que 1) y que va de uno a algún natural que es estrictamente menor a \aleph_0 .

(3) Los diferentes conjuntos no comparten elementos. Lo que dice es que se trata de cosas distintas, que no hay organismos hermafroditas, por ejemplo, establece que una cosa es un macho y otra distinta es una hembra, que una cosa es una hembra y otra sus óvulos, y otra muy distinta es el tiempo, etcétera.

(4) La función λ es un localizador temporal que va de T al conjunto potencia de la unión de los conjuntos indicados. Nos dice cuáles son las determinadas entidades biológicas que corresponden a una determinada generación.

(4.1) Para toda entidad biológica existe una generación a la cual pertenece, una y sólo una. Las generaciones no se imbrican.

(5) La función η asocia a cada individuo macho de una determinada generación con los espermatozoides que produce en esa misma generación. Representa la espermatogénesis.

(5.1) Aquí se establece que para cada espermatozoide hay sólo un macho que lo produce.

(6) ω es una función que asocia a cada individuo hembra de una determinada

generación con los óvulos que produce en esa misma generación. Representa la ovogénesis.

(6.1) Al igual que para los machos, para cada óvulo existe una y sólo una hembra que lo produce.

(7) κ es una función que asocia a los cigotos de la segunda generación con las hembras o machos de esa generación. Corresponde con la noción de desarrollo ontogenético.

(8) La función δ asocia a cada pareja de progenitores de una determinada generación con el conjunto de sus descendientes machos o hembras de la siguiente generación.

Dentro de esta reconstrucción de los modelos potenciales parciales, podemos observar, como mencioné antes de iniciar con la reconstrucción, que no aparece ningún elemento teórico en la axiomatización. El componente teórico de la TUF, que correspondería a la función φ , se introduce a continuación, en la axiomatización de los modelos potenciales.

Para los modelos potenciales,

$m \in Mp(TUF) \text{ syss } \exists !n: H, M, O, E, C, T, \lambda, \eta, \omega, \kappa, \delta, \varphi$ tales que:

(0) $m = \langle H, M, O, E, C, T, \lambda, \eta, \omega, \kappa, \delta, \varphi \rangle$

(1) $m = \langle H, M, O, E, C, T, \lambda, \eta, \omega, \kappa, \delta, \varphi \rangle \in Mpp(TUF)$

(2) $\forall t \in T$ tal que $t \neq t_0$, $\varphi: (E \cap \lambda(t)) \times (O \cap \lambda(t)) \rightarrow C \cap \lambda(t+1) \cup \emptyset$

(0) De la misma manera que para los modelos potenciales parciales, se presenta

aquí la estructura matemática, que en este caso incluye a φ .

- (1) Aquí se establece que la estructura mencionada es un elemento de los modelos potenciales parciales.
- (2) φ es una función que asigna a cada pareja formada por un espermatozoide y un óvulo de una determinada generación, un cigoto de la generación siguiente, contemplando la posibilidad de que no toda pareja \langle espermatozoide, óvulo \rangle da pie a un cigoto.

Como mencioné, aquí se agrega la función φ , que asocia a cada célula el par de células fecundantes de las cuales proviene. Se trata de un elemento teórico que es justo el que marca la diferencia con respecto a los modelos potenciales parciales.

Sobre los modelos actuales,

$m \in M(\text{TUF})$ syss:

(1) $m \in M_p(\text{TUF})$

(2) $\forall t \in T$ tal que $t \neq t_0$ y $\forall x \in (H \cup M) \cap \lambda(t)$: $\exists! H_x \in H \cap \lambda(t)$ y $\exists! M_x \in M \cap \lambda(t)$
y $\exists! e_x \in \eta(M_x)$ y $\exists! o_x \in \omega(H_x)$ $\exists! c_x \in C \cap \lambda(t+1)$ tales que: $(x \in \delta(\langle M_x, H_x \rangle))$ y
 $(\kappa(c_x) = x)$ y $(\varphi(c_x) = \langle e_x, o_x \rangle)$

- (1) Aquí se establece que los modelos actuales de la TFU están contenidos dentro de sus modelos potenciales, es decir, son modelos potenciales que además satisfacen la *ley fundamental*.

(2) Este punto expresa lo que corresponde a la ley fundamental de la teoría, la cual puede leerse: “a cada individuo se le asocian una y sólo una pareja <hembra, macho>, una y sólo una pareja <gameto femenino, gameto masculino > y un y sólo un cigoto, de tal manera que: tal cigoto es producto de la fusión de esos gametos, mismos que fueron producidos por dichos hembra y macho (respectivamente), y el desarrollo de tal cigoto dio origen a dicho individuo”.

Ya detallado hasta este punto, puede entenderse que, por *ley fundamental*, la Concepción Estructuralista entiende el esquema general de comportamiento de los sistemas de objetos que propone la teoría. Es decir, la ley regula el comportamiento de los dominios y funciones del modelo, de manera que “enlaza de manera sinóptica a todos los conceptos postulados por la teoría y es de carácter tan general que no corresponde tanto a una ley propiamente dicha como a un esquema de ley, pues es empíricamente irrestricta” (Casanueva, 2005, p.42).

Esta manera de presentar a la TUF no es la única formulación posible, ya que se puede elaborar una reconstrucción alternativa de la teoría si reducimos el número de términos primitivos involucrados. En lugar de tener los conjuntos *Machos* y *Hembras*, estos pueden colapsarse de manera que haya solamente *Progenitores*, mientras que *Espermatozoides* y *Óvulos* pueden sustituirse simplemente por *Gametos*, resultando así una sola función de *gametogénesis*. Así, la reconstrucción tendría la forma:

Para los modelos potenciales parciales,

$m \in \text{Mpp}(TUF) \text{ sys} \exists^n: P, G, C, T, \lambda, \gamma, \kappa, \delta$ tales que:

(0) $m = \langle P, G, C, T, \lambda, \gamma, \kappa, \delta \rangle$

(1) P, G, C y T son conjuntos no vacíos y finitos

(Def. 1): $P^* \equiv \{x \text{ tal que } x \text{ es un individuo}\}$

(Def. 2): $P^* \subset P$; $P^{**} \equiv \{x \text{ tal que } x \text{ es un par de individuos progenitores}\}$

(Def. 3): $P^{**} \subset P$; $G^* \equiv \{x \text{ tal que } x \text{ es un gameto}\}$

(Def. 4): $G^* \subset G$; $G^{**} \equiv \{x \text{ tal que } x \text{ es un par de gametos que se fertilizan}\}$

(Def. 5): $G^{**} \subset G$

(2) T es isomorfo con un segmento inicial de los Naturales. $1 < \#(T) < \aleph_0$

(3) P, G, C y T son ajenos entre sí.

(4) $\lambda: T \rightarrow \wp(\cup(P, G, C))$

(4.1) $\forall x \in \cup(P, G, C), \exists! t \in T \text{ tal que } x \in \lambda(t)$

(5) $\forall t \in T, \gamma: P^* \cap \lambda(t) \rightarrow \wp(G^* \cap \lambda(t))$

(5.1) $\forall g \in G, \exists! x \in P \text{ tal que: } g \in \gamma(x)$

(6) $\forall t \in T, \kappa: C \cap \lambda(t) \rightarrow P^* \cap \lambda(t)$

(7) $\forall t \in T, \delta: P^{**} \cap \lambda(t) \rightarrow \wp(P^* \cap \lambda(t+1))$

de manera que,

- (1) el conjunto P representa la noción de progenitor o par de progenitores, el G representa la de gameto o par de gametos, el C la de cigoto a partir del cual deriva un individuo, y T que representa una noción de tiempo en generaciones. Todos estos conjuntos son no vacíos y finitos.

(Def. 1) Indica que P^* se refiere a individuos.

(Def.2) Indica que P^* es un subconjunto de P y que P^{**} se refiere a pares de progenitores.

(Def. 3) Indica que P^{**} es un subconjunto de P y que G^* es un gameto.

(Def. 4) Indica que G^* es un subconjunto de G y que G^{**} es un par de gametos que se fertilizan.

(Def. 5) Indica que G^{**} es un subconjunto de G .

(2) De la misma manera que en la reconstrucción anterior, en este punto se encuentra especificado que la noción de tiempo a emplear debe permitir contar las generaciones.

(3) Los diferentes conjuntos no comparten elementos.

(4) La función λ es un localizador temporal que va de T al conjunto potencia de la unión de los conjuntos determinados, indicando cuáles son las determinadas entidades biológicas que corresponden a una generación determinada.

(4.1) Para toda entidad biológica existe una generación a la cual pertenece, una y sólo una. Las generaciones no se imbrican

(5) La función γ asocia cada individuo progenitor de una determinada generación con los gametos que produce en esa misma generación. Representa la gametogénesis.

(5.1) Aquí se establece que para cada gameto hay sólo un progenitor que lo produce.

(6) κ es una función que asocia a los cigotos de la segunda generación con los progenitores individuales de esa generación. Corresponde con la noción de desarrollo ontogenético.

(7) La función δ asocia a cada pareja de progenitores de una determinada generación con el conjunto de sus descendientes de la siguiente generación.

El elemento teórico de esta versión de la TUF, que correspondería, al igual que en la anterior a la función φ , se introduce a continuación:

Para los modelos potenciales,

$m \in Mp(TUF)$ syss $\exists^n: P, G, C, T, \lambda, \gamma, \kappa, \delta, \varphi$ tales que:

- (0) $m = \langle P, G, C, T, \lambda, \gamma, \kappa, \delta, \varphi \rangle$
- (1) $m = \langle P, G, C, T, \lambda, \gamma, \kappa, \delta, \varphi \rangle \in Mpp(TUF)$
- (2) $\forall t \in T$ tal que $t \neq t_0$, $\varphi: G^{**} \cap \lambda(t) \rightarrow C \cap \lambda(t+1)$

(0) Se presenta aquí la estructura matemática, que incluye a φ .

(1) En este punto se establece que la estructura mencionada es un elemento de los modelos potenciales parciales.

(2) φ es una función que asigna a cada pareja de gametos de una determinada generación, un cigoto de la generación siguiente.

Y finalmente, sobre los modelos actuales,

$m \in M(TUF)$ syss:

- (1) $m \in Mp(TUF)$
- (2) $\forall t \in T$ tal que $t \neq t_0$ y $\forall x \in P \cap \lambda(t): \exists! P_x \in P \cap \lambda(t)$ y $\exists! g_x \in \gamma(P_x)$ y $\exists! c_x \in C \cap \lambda(t+1)$ tales que: $(x \in \delta(P))$ y $(\kappa(c_x) = x)$ y $(\varphi(c_x) = g_x)$

- (1) Aquí se establece que los modelos actuales de la TFU están contenidos dentro de sus modelos potenciales, es decir, son modelos potenciales que además satisfacen la *ley fundamental*.
- (2) Este punto expresa lo que corresponde a la ley fundamental de la teoría, la cual puede leerse: “a cada individuo se le asocia una y sólo una pareja de progenitores, una y sólo una pareja de gametos y un y sólo un cigoto, de tal manera que: tal cigoto es producto de la fusión de esos gametos, mismos que fueron producidos por sus respectivos progenitores, y el desarrollo de tal cigoto dio origen a dicho individuo”.

De esta forma, han quedado reconstruidas dos axiomatizaciones de la misma teoría, es decir, a pesar de que éstas difieren en los primitivos que contienen y al número de axiomas enlistados, quedan fijados los mismos modelos para ambas reconstrucciones.³⁰

1.2 Interpretaciones gráficas para las reconstrucciones

Como se mencionó al comienzo, la complejidad propia del aparato estructuralista (que habrá quedado esbozada con ayuda de la reconstrucción de la TUF) requiere de un considerable esfuerzo para digerirlo, por lo que algunos de sus críticos lo han

³⁰ Esto ejemplifica la ventaja de un enfoque modelístico frente a la visión sintacticista, puesto que una interpretación estricta de éste último obliga que, de presentarse dos formulaciones de una teoría con diferencias en sus axiomas, aunque equivalentes lógicamente, debe concluirse se trata de dos teorías distintas en lugar de dos formulaciones de la misma teoría.

considerado una herramienta bastante complicada (Moulines, 2011). Este exceso de complejidad se extiende a los productos que de la aplicación del aparato estructuralista resultan, pues, como bien menciona Méndez, las reconstrucciones de la Concepción Estructuralista, para quien se tope con ellas por primera vez, son casi tan comprensibles como el arameo (Méndez 2012). Si bien las precisiones y sutilezas del tecnicismo estructuralista permiten mostrar aspectos profundos de las teorías que representan—haciéndolas así más fácilmente comprensibles—los beneficios que estas reconstrucciones representan pueden quedar opacados por el hecho de que no son del todo claras.

La concepción grafo-modelo surge como una propuesta de solución a este grave problema, pues dota a las reconstrucciones de las teorías de una interpretación gráfica que contribuye a mejorar su comprensión.

2. Concepción grafo-modelo

2.1 Traducibilidad y ventajas

Si bien el análisis metateórico de la Concepción Estructuralista goza de ser reconocido como el más preciso análisis conceptual de las teorías disponible, es justo confesar que, en muchas ocasiones, las sutilezas del tecnicismo que emplea sacrifican la claridad en pos de la precisión (Casanueva, 2005, 2009; Casanueva y Méndez, 2012; Moulines, 20011). La Concepción Grafo-Modelo busca atender el

problema al dotar a estas complejas reconstrucciones de una interpretación gráfica sencilla, respetando las distinciones introducidas por el programa estructuralista.³¹

La teoría matemática de conjuntos es la principal herramienta de la Concepción Estructuralista, pero ella no le es esencial pues se admite el uso de otras herramientas para las reconstrucciones de las teorías, como podría ser la teoría de categorías o incluso el empleo de grafos (Méndez, 2012). La propuesta Grafo-Modelo celebra la apertura estructuralista y se adhiere al espíritu de van Fraassen, quien declaró que “presentar una teoría es presentar una familia de modelos. Esta familia puede ser descrita de varios modos, mediante enunciados diferentes, en lenguajes diferentes, y ninguna formulación lingüística tiene algún estatuto privilegiado [...]” (van Fraassen, 1989, p. 188).

Entre las principales ventajas de la optar por el enfoque grafo-modelo podemos destacar algunas cuestiones. La más evidente es que la presentación a modo de grafo permite apreciar de un solo vistazo (literalmente) y de manera completa un diagrama a partir del cual, trabajando con la sintaxis y la semántica diagramática empleada, podrá apreciar de manera integral la arquitectura de la estructura conceptual de un modelo, lo que tiene como consecuencia que la comparación entre ellos se vea facilitada. Además, esta presentación gráfica revela ciertos aspectos meta-científicos que no son tan fáciles de distinguir en los

³¹ Hay que mencionar que si bien esta traducción se vale de los múltiples puntos de contacto entre el enfoque estructuralista y el grafo-modelo, existen diferencias alrededor de la necesidad de que todos los modelos de la teoría compartan la misma ley fundamental y que ésta se encuentre expresada exactamente en los mismos términos. Esta cuestión la detallaré más adelante.

predicados conjuntistas, productos de la aplicación del aparato estructuralista. Esto último ya que la presentación de las teorías a manera de grafo permite revelar, en particular, las rutas de inferencia que ofrece el modelo en cuestión, permitiendo identificar en dónde es que radica su capacidad explicativa (Casanueva y Méndez, 2008; 2012). Otro aspecto importante, es que la reconstrucción en el formato grafo permite mantener varios niveles de profundidad en el análisis (tan fino o tan burdo como sea requerido). Finalmente, hay que destacar que la adopción del enfoque grafo-modelo no sacrifica las ventajas de la Concepción Estructuralista, puesto que recupera sus principales distinciones metateóricas, aunque sin su complejidad técnica (por supuesto, poseyendo la propia).³²

2.2 Puntos y flechas

El paso de una reconstrucción estructuralista a un grafo puede entenderse de manera sencilla: si los modelos teóricos pueden ser vistos como estructuras que constan de una serie de entidades y determinadas relaciones entre ellos, entonces podemos sustituir a las entidades por puntos y a las relaciones por flechas. Vale la pena mencionar que la sustitución de predicados conjuntistas por grafos en principio no es problemática, pues si bien no son necesariamente equivalentes, pueden

³² Al grafo pueden agregarse cuantas etiquetas se requiera para hacerlo compatible con la reconstrucción estructuralista de una teoría dada. Podemos decir que, a pesar de que no se encuentren plasmadas todas esas distinciones que aparecen en una reconstrucción estructuralista estamos hablando de la misma teoría. Sucedería, solamente, que algunos puntos se hallarían colapsados.

traducirse entre sí sin mayor problema. Un grafo consta entonces de puntos o nodos, que representan conceptos abstractos entendidos a manera de conjuntos; de flechas que se encargan de mapear los diferentes conjuntos de manera unívoca por la derecha, resultando el dominio en el origen de la flecha y el codominio en su destino. Estas representaciones gráficas se acompañan de un breve texto que contiene su interpretación con la finalidad de facilitar su comprensión.

Para construir un grafo, es útil entender un modelo como una estructura conceptual construida con el fin de responder una pregunta. Esta pregunta es clave y puede representarse de manera muy general mediante: “ $A \rightarrow Z$ ”. Aquí, la flecha debemos entenderla como indicando un proceso o la adscripción de una propiedad Z a los objetos que constituyen A . La flecha representa entonces una regla que indica que deben obtenerse datos acerca del destino utilizando los datos acerca del origen.

Como se puede observar en la figura 4, el modelo postula una serie de entidades y relaciones que constituyen una ruta alternativa, la cual conecta también A con Z . Ésta se traduce en los puntos C y D y sus respectivas flechas. En caso de que las rutas se relacionen mediante la igualdad, estaremos entonces frente a un circuito conmutativo ($A \rightarrow Z = A \rightarrow C \rightarrow D \rightarrow Z$). La capacidad explicativa de los modelos teóricos radica en que el diagrama resulte en un circuito cerrado, de manera que las rutas se concatenen y pueda decirse algo de una ruta a partir de la otra (Casanueva y Méndez, 2008; 2012). Es importante mencionar que pueden presentarse otros tipos de relación matemática, como podrían ser la inclusión, desigualdad, aproximación, etcétera. Por supuesto que la igualdad es la forma más informativa de estas rutas, pero incluso la desigualdad proporciona información al decirnos algo como “no sé cómo llegar, pero definitivamente por aquí no”.

El esquema se divide entonces en dos regiones, una que abarca el planteamiento del problema, y otra que incluye la explicación que brinda el modelo. El fenómeno $A \rightarrow Z$ se encuentra en la porción que corresponde a la primera, a la base de datos (BD en la figura 4), en donde la identificación y determinación de los conceptos no presupone la validez de las leyes o restricciones postuladas por la teoría. Por otro lado, encontramos a los puntos C y D y sus respectivas flechas en la superestructura teórica (SET), los cuales sí presuponen la validez de las leyes propuestas por la teoría. En la figura 4, los cuatro puntos (A, C, D y Z) pueden verse dispuestos de manera que la parte del grafo que queda por encima de la línea punteada representa a los conceptos propios de la teoría (T-teóricos), mismos que son postulados para explicar los datos o fenómenos de la base de contrastación (elaborada en términos T-no-teóricos).

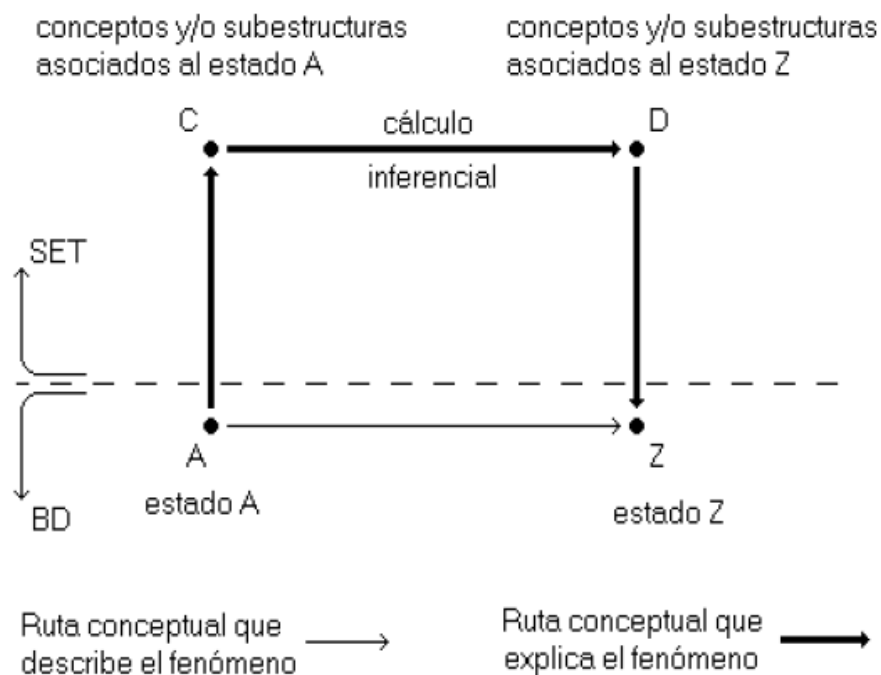


Figura 4. Forma general de un grafo a 4 puntos. Tomado de Casanueva y Méndez (2012)

2.3 Circuitos en los grafos

Dicho lo anterior, la representación a modo de grafo permite notar que las regiones propuestas anteriormente no se encuentran aisladas, existe al menos un circuito de comunicación entre la base de contrastación y la superestructura teórica. Como mencioné, las flechas funcionan como reglas de inferencia que permiten obtener datos a partir de otros, en donde el sentido de las flechas conforma determinados flujos inferenciales. Como puede observarse en la figura 4, queda entonces plasmado un circuito formado por dos flujos en colisión.

Casanueva y Méndez (2012), mencionan que estos circuitos constan de cuatro momentos (que pueden observarse en la figura 5):

- (1) Se establecen relaciones entre los elementos de la base de contrastación. Estas constituyen la conceptualización que establecen los modelos teóricos sobre un determinado problema o asunto.
- (2) Algunos de los elementos de la base de contrastación se vinculan con elementos de la superestructura teórica. Se introducen términos modelo-teóricos en relación o en función de la base empírica de un determinado modelo.
- (3) Los elementos super-estructurales que quedaron enlazados con la base se relacionan con otros (o los mismos) elementos de la supraestructura. Cierta cálculo subyace a todo modelo.
- (4) Finalmente, se establecen conexiones entre elementos de la superestructura

con elementos de la base, los cuales son los destinatarios del momento 1. Es decir, se prepara el cierre, desenlace, aplicación o interpretación que constituye la respuesta.

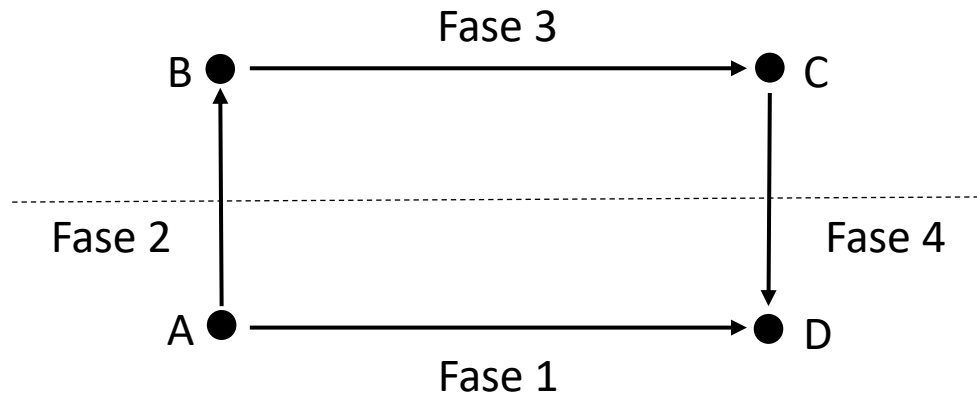


Figura 5. Diferentes fases en los circuitos de un grafo.

2.4 Grafo de la teoría Unigamética de la Fecundación

Para volver a un terreno familiar, he decidido incluir la reconstrucción grafo-modelo de la Teoría Unigamética de la Fecundación (TUF). Si representamos los modelos de esta teoría por medio de un predicado conjuntista, como se haría en una reconstrucción propia del estructuralismo, le correspondería una estructura de la forma $m = \langle P, H, G, C, \delta, \gamma, \varphi, \kappa \rangle$, la cual puede asociarse a la interpretación gráfica de la figura 6. Para ambos casos, **P** representa un conjunto de parejas formados por una hembra y macho, **H** es el conjunto de los hijos, **G** es un conjunto de pares de gametos donde el primer miembro es un gameto femenino y el segundo un gameto masculino, **C** es un conjunto de cigotos y las griegas δ , γ , φ y κ , representan, respectivamente, las relaciones de descendencia, gametogénesis, fecundación y crecimiento (o desarrollo ontogénico).

En el grafo se puede observar que las rutas conmutan, es decir, que se puede seguir cualquiera de las dos y alcanzar la misma respuesta. Una de esas rutas se encuentra en la base y corresponde a los puntos P y H y a la función δ , que puede leerse que entre los padres y los hijos hay una relación de descendencia. La ruta alternativa se encuentra en la superestructura e incluye la función propia de la TUF que se encuentra representada por φ , y puede leerse de manera que, de los padres, por medio de la gametogénesis, se producen gametos, los cuales por medio de la fecundación dan forma al cigoto, que se desarrolla ontogénicamente hasta dar un individuo (hijo).

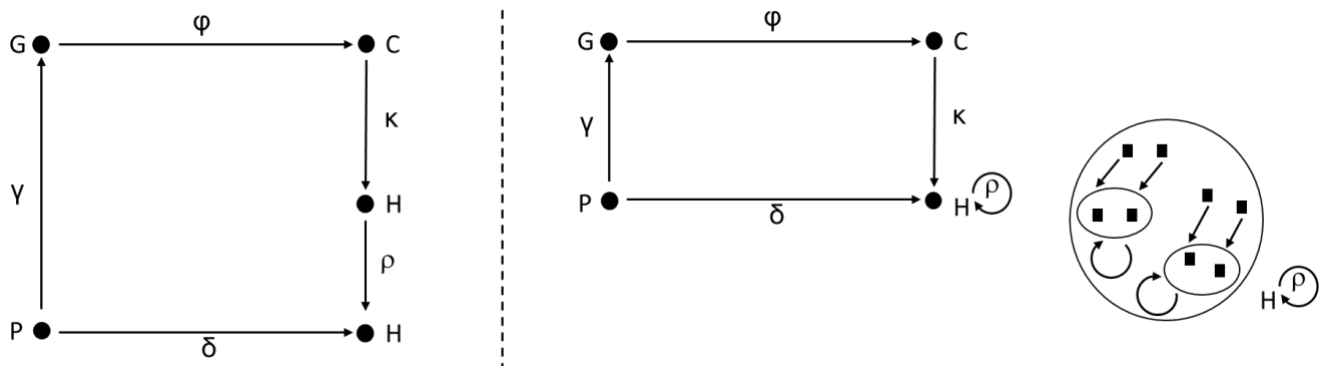


Figura 6. Grafos de la Teoría Unigamética de la Fecundación. Elaborado a partir de Casanueva (2005). Para que los elementos del conjunto H se vinculen con los pares de progenitores de acuerdo a la interpretación propuesta, he agregado una función ρ cuyo dominio y codominio se corresponden ambos con H, que permite identificar hijos individuales, que pueden vincularse con sus respectivos cigotos, y fraternidades carnales, que pueden vincularse con pares de progenitores. En el panel de la izquierda se tiene un grafo de cinco puntos; en el de la derecha se colapsan H y ρ para generar un objeto (H-bucle- ρ), que ya no es un conjunto sino un sistema dinámico. A un lado, se muestra cómo sería la estructura interna de H-bucle- ρ .

Otro aspecto importante—que aprovecharé para describir sobre el ejemplo— es el relacionado con la parte propiamente restrictiva: las leyes. Aquí, éstas estipulan que, de darse cierto tipo de objetos, propiedades o relaciones (aquéllos que caen bajo el ámbito de aplicación de la ley), entonces, y de no oponerse nada extraordinario, también se darán otros determinados objetos, propiedades o relaciones. Las leyes pueden representarse mediante flechas de distintos tipos: gruesas para la ley fundamental, onduladas y gruesas para las denominadas como leyes especiales propias, de guiones gruesos para las ligaduras, y de punto gruesos para las leyes puente. Siguiendo esta recomendación, en la figura 7 queda representada la ley fundamental para la TUF, marcada por cuatro flechas gruesas que indican que las funciones δ , γ , φ y κ tienen algún tipo de “inverso” que se corresponde con la formulación $\delta = \kappa \circ (\varphi \circ \gamma)$, la cual puede enunciarse en algo como: “a cada individuo se le asocian una y sólo una pareja <padre, madre>, una y sólo una pareja <gameto masculino, gameto femenino> y un y sólo un cigoto, de tal manera que: tal cigoto es producto de la fusión de esos gametos, mismos que fueron producidos por dichos progenitores, y el desarrollo de tal cigoto dio origen a dicho individuo”. Podemos notar que, de la misma forma que en su equivalente en el enfoque estructuralista, la flecha gruesa en el grafo reúne de manera sinóptica a todas las entidades postuladas, además dotándolo de conmutatividad.

En el siguiente capítulo, a partir de la construcción del grafo correspondiente para la síntesis de proteínas, se construirá una ley existencial de este tipo.

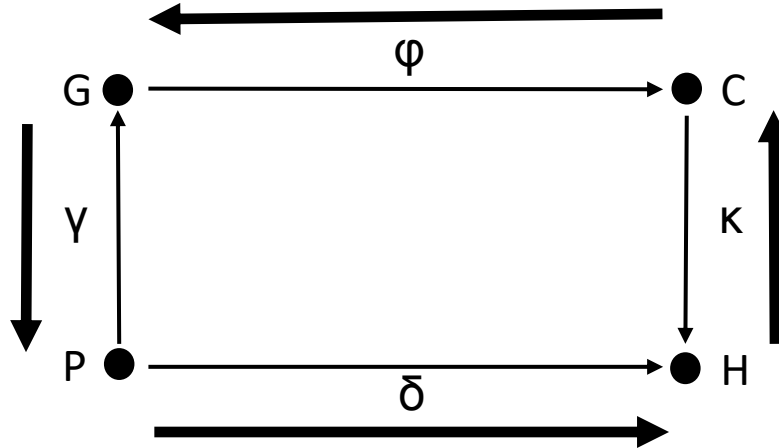


Figura 7. Grafo que representa la ley fundamental de la Teoría Unigamética de la Fecundación. Elaborado a partir de Casanueva (2005).

Así como en las reconstrucciones estructuralistas, dos grafos aparentemente distintos pueden referir a la misma teoría. Esto ya que los grafos permiten diferentes niveles de profundidad en el análisis, debido a que cada punto o flecha puede ser visto como un sistema en sí mismo. Esto último quiere decir que pueden entenderse como una estructura capaz ser desplegada o analizada más a fondo o, inversamente, determinadas subestructuras de un grafo pueden colapsarse en un sólo punto o una flecha según el caso, y de esta forma, los puntos pueden representar subestructuras o grafos completos, permitiendo diferentes presentaciones de una misma teoría (Figura 8). La cantidad de detalle y subestructuras a ser mostradas en el grafo obedece a los intereses particulares de quien las reconstruye y a la profundidad con que se deseen analizar determinadas subestructuras del grafo (Casanueva y Méndez, 2012).

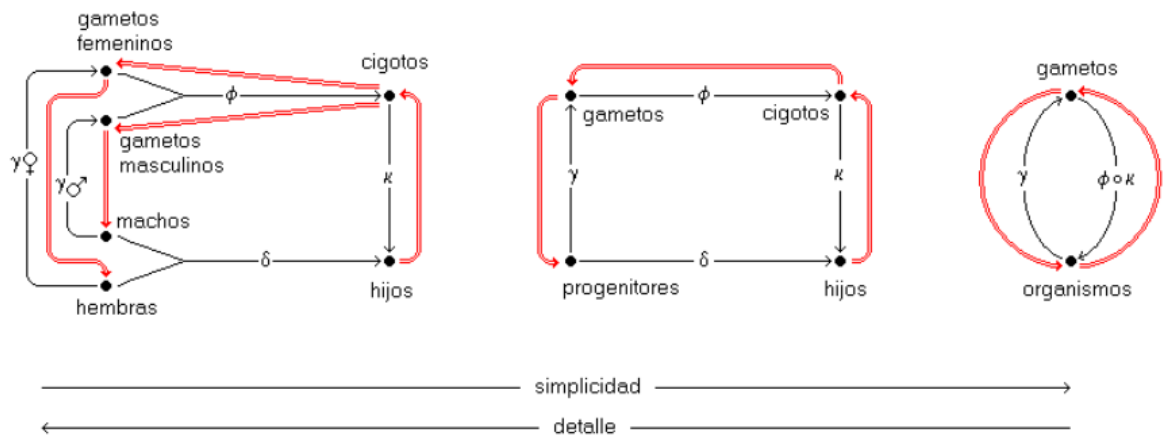


Figura 8. Estructura conceptual de la Teoría Unigamética de la Fecundación vista a diferentes niveles de profundidad. La interpretación de las flechas es: δ descendencia, γ^{\ominus} gametogénesis femenina, γ^{\ominus} gametogénesis masculina, ϕ fecundación, κ crecimiento y γ gametogénesis (general). La ley fundamental se indica con flechas dobles. Tomado de Casanueva y Méndez (2012).

Los grafos representacionales pueden elaborarse en términos de diagramas conjuntistas, como los que hasta ahora he presentado, pero también es posible como diagramas inspirados en la teoría de categorías. De proceder de esta manera, una reconstrucción de la TUF se vería como en la figura 9.

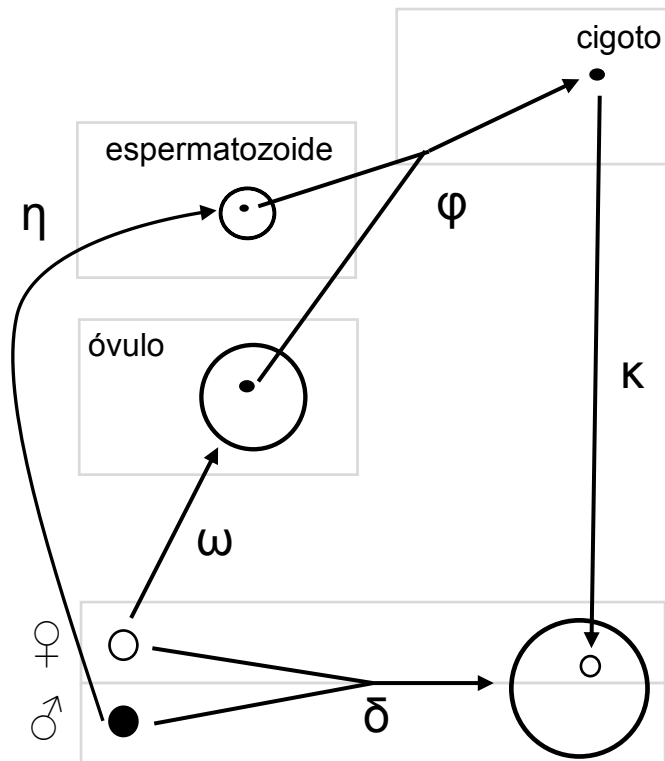


Figura 9. Grafo correspondiente a la TUF elaborado de acuerdo a la Teoría Matemática de Categorías.

Aquí se permite distinguir entre diagramas internos y diagramas externos, en donde los internos contienen mayor información y detalle. Por ejemplo, en esta interpretación en sintonía con la teoría de categorías, para señalar un individuo específico dentro del conjunto de los *Hijos*, basta con marcar en el grafo anterior un punto dentro del conjunto *Hijos*, y hacer que la flecha κ le apunte.

En un grafo conjuntista, esto no es posible, ya que los conjuntos están representados por puntos, a los que no es posible hacer *zoom*. Sin embargo, agregando *funciones de identidad*, es posible incluir el detalle de la figura 9 a un grafo conjuntista. Esto puede observarse en la figura 10, en donde del conjunto de las hembras, por ejemplo, se despliega un conjunto cuyo único elemento es un

individuo específico. El mismo procedimiento se hace para especificar en los conjuntos de machos, espermatozoides, óvulos, cigotos, e hijos.

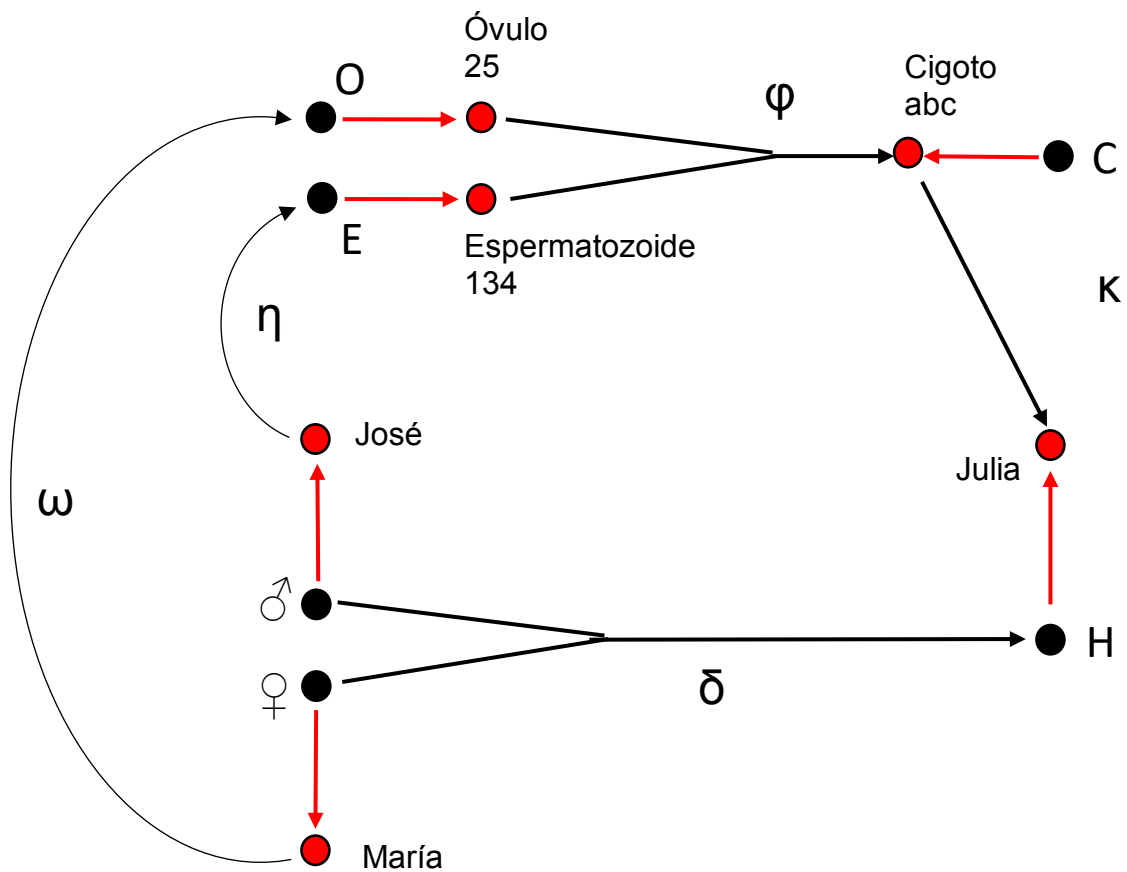
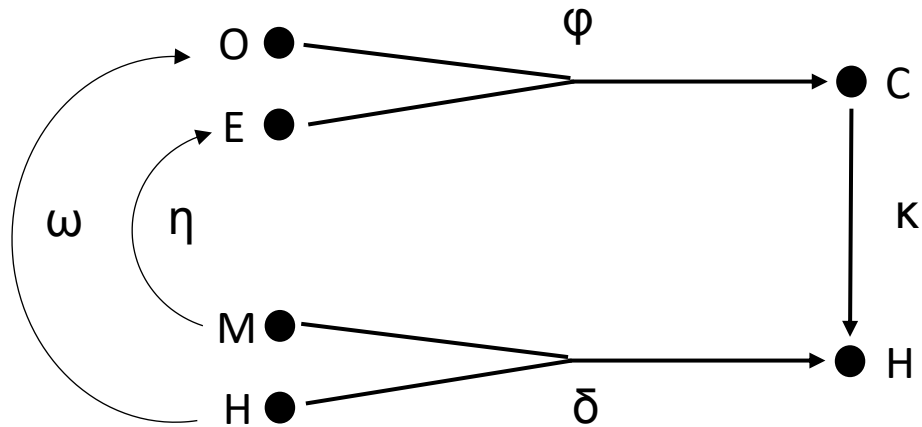


Figura 10. Grafos conjuntistas en donde el primero no contiene la misma información específica que el grafo expresado en términos de la teoría de categorías, mientras que, en el segundo, las funciones de identidad permiten que el nivel de detalle sea el mismo. Las funciones de identidad están indicadas con rojo, al igual que los conjuntos unitarios a los que aplica la función.

2.5 Diferencias entre las concepciones

Para terminar, me gustaría insistir que la Concepción Grafo-modelo y la Estructuralista no son enteramente equivalentes, sino que, más bien, obedecen a una dinámica de intercambio de partes. Para ello, me gustaría introducir algunas diferencias que, si bien no se encuentran explícitamente publicadas en el caso de Grafo-modelo, es posible inferir a partir de lo encontrado en diversas publicaciones.³³

La primera es que para la Concepción Estructuralista la ley fundamental debe ser necesariamente compartida por todos los modelos de la teoría, mientras que, para Grafo-modelo, aquello que se va a compartir no es algo que pueda determinarse *a priori*. Grafo-modelo es crítico cuando se sostiene que el criterio de pertenencia de los modelos a la teoría se debe a que poseen determinados dominios y relaciones que representan sus modelos, puesto que supone la existencia de una

³³ Esto debido a que la Concepción Grafo-Modelo no posee un libro de texto como *Architectonic* para el estructuralismo, sino que la propuesta se halla fragmentada en diversas publicaciones de Méndez y Casanueva. La compilación de estos detalles que he realizado en este capítulo puede resultar valiosa por ofrecer reunidos y estructurados algunos de estos fragmentos; por supuesto en un escrito lejos de ser un libro tan completo como *Architectonic* o algún texto que los arquitectos de la propuesta pudieran elaborar.

esencia compartida por todos los modelos de una teoría, y de una parte accesoria y mutable. Esta crítica puede encontrarse en Casanueva y Méndez (2012), quienes entienden una lectura esencialista como inadecuada para el planteamiento de una dinámica teórica, por lo que proponen un enfoque poblacional. La diferencia radica en que desde el esencialismo estructuralista basta con reconocer al núcleo (sin especializaciones) para identificar una teoría, mientras que, para una población, como propone Grafo-Modelo, se debe necesariamente identificar un grupo estadísticamente representativo de la misma. El enfoque poblacional exige que se comparta algo, pero no que esté determinado de manera previa. Si bien al estructuralismo le basta una sola teoría para identificarla con precisión, para señalar que una población es diferente a otra es necesario que haya varias poblaciones distintas. A partir de lo anterior puede entenderse que, para la Concepción Grafo-modelo no es necesario que los modelos compartan exactamente el mismo pronunciamiento de la ley fundamental para considerarse pertenecientes a una misma teoría. Las diferencias sutiles en la presentación de algunas entidades no necesariamente impactan tanto como para considerarlas relativas a teorías diferentes, la *esencia* obtenida posteriormente gracias al análisis estadístico permite la superación de este inconveniente, permitiendo que modelos que comparten *algo*—que resultan cercanos—puedan ser entendidos como pertenecientes a una misma teoría. En la Concepción Grafo-modelo el énfasis no se pone en la gran estructura que es la teoría, sino en su parte pequeña, el modelo, para después construir efectivamente la teoría.

Otro punto de separación entre el estructuralismo y la Concepción Grafo-modelo se encuentra en que, si bien esta última acepta todas las distinciones

internas a los modelos que propone el estructuralismo, es decir, acepta que para cada modelo existe una ley fundamental, un criterio de T-teoricidad, condiciones de ligadura entre los modelos, etcétera, la Concepción Grafo-modelo introduce sus propias distinciones. Con esto me refiero a que para Grafo-modelo sí es importante señalar el papel que juegan los conceptos, las funciones, las distintas partes de una teoría en la obtención de explicaciones. Bajo este enfoque interesa el hecho de que una teoría se crea con la intención de contestar un problema y le importa señalar cuál es la estructura presente dentro de las respuestas que proporcionan las teorías, como señalé al momento de explicar el proceso de construcción de un grafo algunos párrafos más arriba, y como puede encontrarse en Casanueva y Méndez (2012).

Una particularidad más es el empleo de grafos en lugar de las caracterizaciones conjuntistas. Si bien el estructuralismo emplea la teoría de conjuntos, nada en ésta hace que le sea esencial. Lo que interesa a los estructuralistas es definir los modelos con precisión de manera que pueda trazarse cierta estructura. Ese es uno de sus puntos nodales, poder identificar partes dentro de una teoría. Como mencioné, no se trata solamente de un conjunto de axiomas, en donde todos tienen el mismo valor, sino que el estructuralismo considera la existencia de partes diferenciadas (modelos potenciales, por un lado, modelos potenciales parciales por otro, etc.). Sin embargo, esta preocupación por las distinciones puede mantenerse, aunque no se utilice la teoría de conjuntos, incluso podría prescindirse de utilizar teorías matemáticas en absoluto. La Concepción Estructuralista se muestra explícitamente abierta a la utilización de la teoría de categorías (Balzer *et al.* 1987 p.), sin embargo, la Concepción Grafo-modelo es más limitada, dado que se compromete con el uso de grafos de manera constitutiva.

Finalmente, he de señalar que otra diferencia importante es que, dentro de Grafo-modelo, los modelos pueden ser introducidos con distintos grados de profundidad en el análisis (Casanueva y Méndez, 2012). De esta manera, al presentar una teoría, no solamente se muestra el grafo correspondiente, sino una familia de grafos que se hayan relacionados entre sí por una diferencia de profundidad en el análisis. Es decir, se está dando una serie de sistemas de representación y no solamente la caracterización de los modelos.

Capítulo IV

Reconstrucción Grafo-modelo de la Síntesis de Proteínas

0. Introduciendo

He elegido el mecanismo de la síntesis de proteínas debido a su gran relevancia en dos importantes campos de la biología: resulta el mecanismo central para la expresión genética en biología molecular, y es igualmente destacado al respecto de la síntesis de enzimas y proteínas estructurales en el estudio del metabolismo en bioquímica. Es por ello que la reconstrucción de este mecanismo ilumina un logro significativo de la biología del siglo veinte que integra resultados de los campos de la biología molecular y la bioquímica.³⁴

Para llevar a cabo las reconstrucciones del mecanismo de la síntesis proteica, me valí de la consulta de las descripciones de los libros de texto de bioquímica de Berg et al. (2011), Nelson y Cox (2013) y Lodish et al (2013), obras reconocidas

³⁴ Sin mencionar también que este mecanismo ha sido utilizado en varias ocasiones en la literatura mecanicista (Machamer et al., 2000; Darden, 2006; 2013) por lo que resulta útil para la comparación entre reconstrucciones.

como “*Leading General Biochemistry Texts*” por el Departamento de Bioquímica de la Universidad de Cambridge (<https://www.bioc.cam.ac.uk/teaching/second-year/bmb/reading-list>).

En este apartado doy un breve recorrido histórico sobre el camino hacia la integración del mecanismo; posteriormente hago una descripción general del mecanismo detallando cinco fases principales: i) la activación de los aminoacil-tRNA, ii) el ensamblaje del complejo de la síntesis de proteínas, iii) el proceso de elongación de la cadena polipeptídica, iv) la etapa de liberación y término y v) los procesos post-sintéticos; y, finalmente, presento mis reconstrucciones del mecanismo acompañados de una descripción.

1. Breve apunte histórico

En el periodo comprendido entre finales de la década de 1930 y la de 1950 se aceptaba de forma consensuada la hipótesis de que las proteínas se generaban por la acción sintética inversa concertada de múltiples enzimas proteolíticas de diferentes especificidades (Bergmann, 1942/2006; Bergmann y Fruton, 1941/2006). A pesar de que inicialmente se obtuvieron resultados experimentales que parecían consistentes con estas hipótesis (Bergmann y Fraenkel-Conrat, 1937; Bergmann y Fruton, 1938), rápidamente se encontraron algunas dificultades. Al principio la evidencia indicaba que las especificidades de la ruptura del enlace peptídico en muchos casos eran distintas a las de su formación. Además, una fuerte desviación del equilibrio detectada mediante calorimetría a favor de los aminoácidos libres y en contra de la formación de enlaces peptídicos indicó que las proteasas sintéticas tenían que vencer una barrera energética (Borsook y Dubnoff, 1940; Borsook y Huffman, 1938).

Curiosamente, no se especulaba en ese momento que la formación de enlaces peptídicos involucraba la formación de ATP a partir de consumir enzima fosforilasa (Kalckar, 1941; Lipmann, 1941/2006). En vez de ello, se pensaba que no habría ninguna barrera energética en absoluto ya que en la transpeptidación entre aminoácidos y péptidos catalizada por proteasa (Fruton 1950; Fruton, Johnston, and Fried 1951) no había una diferencia de energía significativa entre enlaces peptídicos escindidos o formados (Lofffield et al., 1953).

A pesar de sus problemas, la hipótesis de la enzima catalizadora para la biosíntesis de proteínas persistió hasta que una línea independiente de estudios descubrió la maquinaria celular para la síntesis de proteínas, la cual resultaba consumidora de energía y dirigida por la plantilla de RNA. En una fase temprana, la centrifugación de extractos celulares, combinada con la microscopía electrónica, descubrió e identificó microsomas, mitocondrias y una fracción flotante sin organelos. Posteriormente, utilizando proteínas radiomarcadas se encontró que su síntesis tenía lugar en la fracción microsomal (Keller, 1951; Siekevitz, 1952; Siekevitz & Zamecnik, 1951; Zamecnik & Keller, 1954). Un gran avance fue la construcción de Phillip Siekevitz de un sistema de células hepáticas libres que ejecutó una síntesis de proteínas localizada en el microsoma y con requerimiento de energía (Siekevitz, 1952). Paul Zamecnik, Mahlon Hoagland y sus colaboradores usaron este sistema para demostrar que la activación de los aminoácidos requiere de ATP para aislar su tRNA aceptor y las aminoacil-tRNA-sintetasas que cargan a las diferentes especies de tRNA con sus respectivos aminoácidos (como lo reseña Zamecnik, 1979).

De manera general, podemos afirmar que el entendimiento actual del mecanismo de la síntesis de proteínas debe mucho a cruciales descubrimientos

realizados por bioquímicos y biólogos moleculares en las décadas de 1950 y 1960. Al principio los enfoques de estos campos fueron distintos y revelaron diferentes aspectos del mecanismo, puesto que los especialistas de cada área aportaron diferentes ideas y técnicas para responder cómo es que se sintetizan las proteínas. Eventualmente, alrededor de 1965 estos resultados fueron integrados en una sola descripción del mecanismo.³⁵

2. Descripción general del mecanismo

El mecanismo responsable de la síntesis proteica forma parte del proceso de transmisión y expresión de la herencia genética conocido como el *dogma central de la biología molecular*. Este credo fue planteado por Francis Crick (Crick, 1958; 1970) y prescribe el proceso mediante el cual la información genética almacenada en los cromosomas y transmitida a las células hijas mediante la duplicación del DNA es expresada mediante la transcripción del RNA mensajero (RNAm), procediendo luego a su traducción en proteínas.³⁶ El dogma es a menudo presentado mediante un esquema abstracto cuya versión sintética muestra, mediante flechas, los flujos de información entre los ácidos nucleicos y las proteínas (Figura 11).

³⁵ Para un análisis histórico y filosófico detallado, vale la pena revisar a Darden (2006, pp.65-97) y a Rheinberger (1997; 2006).

³⁶ Textualmente: “Este dice que una vez que la “información” ha pasado en [forma de] proteína ésta no puede volver a salir. Con más detalle, la transferencia de información de ácido nucleico a ácido nucleico, o desde ácido nucleico hacia la proteína puede ser posible, pero la transferencia de proteína a proteína o de proteína a ácido nucleico es imposible. Por información entendemos aquí la determinación precisa de la secuencia, ya sea de bases en el ácido nucleico o de residuos de aminoácidos en la proteína” (Crick 1958: 152–153).

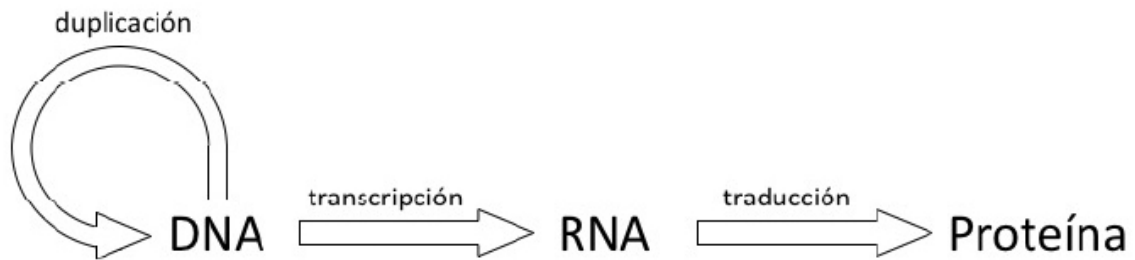


Figura 11. Versión sintética del dogma central de la biología molecular (redibujado de Machamer, Darden y Craver, 2000, p. 16, a su vez redibujado de Watson, 1965, p. 298).

Frecuentemente, la síntesis de proteínas es también referida como *traducción* debido a que, en una parte del proceso, el código de cuatro *letras* de los ácidos nucleicos se traduce al código de veinte *letras* de las proteínas.³⁷ La traducción de la secuencia de bases de una molécula de mRNA en una secuencia de aminoácidos puede compararse con traducir una página escrita en un idioma a otro distinto. Podríamos decir que, conceptualmente, la traducción es un proceso de mayor complejidad que la duplicación del DNA (también conocida como replicación) o la

³⁷ Más precisamente, la combinación de las bases Adenina (A), Citosina (C), Guanina (G) y Timina (T) (o Uracilo (U) en el caso del RNA) agrupada en tripletes en el mRNA es traducida al código de veinte aminoácidos: Serina (Ser,S), Treonina (Thr,T), Cisteína (Cys,C), Asparagina (Asn,N), Glutamina (Gln,Q) y Tirosina (Tyr,Y), Glicina (Gly,G), Alanina (Ala,A), Valina (Val,V), Leucina (Leu,L), Isoleucina (Ile,I), Metionina (Met,M), Prolina (Pro,P), Fenilalanina (Phe,F) y Triptófano (Trp,W), Ácido aspártico (Asp,D) y Ácido glutámico (Glu,E), Lisina (Lys,K), Arginina (Arg,R) e Histidina (His,H). El detalle de la correspondencia entre tripletes y aminoácidos se introducirá más adelante.

transcripción—etapas anteriores a la síntesis proteica—ya que éstas se realizan empleando el mismo lenguaje de apareamiento de las bases.³⁸

La síntesis de proteínas es un proceso complejo que se realiza en varias etapas y requiere la participación de un considerable número de moléculas. Sin embargo, como en el caso de otras síntesis de biomoléculas poliméricas, la síntesis proteica puede entenderse de manera general como un proceso en tres momentos: inicio, elongación y término. Estas fases fundamentales se encuentran agrupadas entre un estadio previo de activación de los precursores y una etapa posterior de procesamiento post-sintético del polímero completado.

De manera resumida, podemos decir que, posteriormente a la activación de los aminoácidos, comienza la etapa de inicio en donde las diferentes moléculas participantes se ensamblan conformando el denominado *complejo de iniciación*. A continuación, se lleva a cabo el proceso de elongación de la cadena polipeptídica en donde se adicionan los aminoácidos activados hasta llegar a la señal de término indicada en el mRNA. Finalmente, el complejo de síntesis libera la recién formada cadena de aminoácidos y después se desacopla. Los procesos post-sintéticos que dotan de especificidad a las proteínas ocurren al final del proceso.

Si buscamos algo más de detalle sobre la etapa de activación, hay que mencionar que dos requerimientos químicos fundamentales deben cumplirse para realizar la síntesis de un polipéptido con secuencia definida: i) el grupo carboxilo de cada aminoácido debe estar activado para facilitar la creación de un enlace peptídico, y ii) un enlace debe establecerse entre cada nuevo aminoácido y la

³⁸ Adenina con Timina (o Uracilo, en el caso del RNA en la transcripción) y Guanina con Citosina, mientras que la síntesis de proteínas implica la traducción antes descrita.

información que el DNA codifica. Ambos requerimientos se cumplen al unir el aminoácido al tRNA que lo codifica. Cada uno de los veinte aminoácidos se encuentra unido covalentemente con su tRNA específico a expensas de energía proveniente del ATP, usando enzimas de activación conocidas como aminoacil-tRNA-sintetasas.

En la etapa de inicio o de ensamble del complejo, el mRNA que posee el código necesario para la realización del polipéptido se une a la más pequeña de las subunidades ribosomales y al aminoacil-tRNA inicial. La subunidad ribosomal más grande se une entonces conformando el complejo de iniciación. El aminoacil-tRNA inicial apareja sus bases con el codón AUG que señala el inicio del polipéptido. Este proceso, el cual requiere de GTP, es promovido por un conjunto de proteínas conocidas como factores de iniciación.

En la fase de elongación, el polipéptido en formación va aumentando de tamaño gracias a la unión covalente de unidades sucesivas de aminoácidos, cada una llevada hacia el ribosoma y correctamente posicionada por su tRNA, cuyas bases se encuentran apareadas con su respectivo codón en el mRNA. El proceso de elongación requiere de proteínas conocidas como factores de elongación. La unión de cada aminoacil-tRNA entrante y el movimiento del ribosoma a lo largo del mRNA es facilitado por hidrólisis de GTP conforme cada aminoácido es agregado al polipéptido en crecimiento.

En la etapa de término, un codón de término en el mRNA señala el final de la cadena polipeptídica. El nuevo polipéptido es liberado del ribosoma ayudado por proteínas llamadas factores de liberación.

Y finalmente, a fin de alcanzar su forma biológicamente activa, el nuevo polipéptido debe plegarse en su conformación tridimensional propia.

En la siguiente sección, con ayuda de las reconstrucciones grafo-modelo, podremos observar con diferentes niveles de detalle el proceso que implica el mecanismo de síntesis de proteínas.

3. Reconstrucciones grafo-modelo del mecanismo

La figura 12 muestra un grafo que captura de manera muy general el mecanismo de la síntesis de proteínas. Este grafo puede ser extendido sin problema de manera análoga a como ocurre con los diagramas esquema considerados por el Nuevo Mecanicismo. Para llevar a cabo una reconstrucción de este tipo, ante todo, el asunto, fenómeno o mecanismo del que pretendemos dar cuenta, debe delimitarse con claridad, más allá de simplemente decir “es la forma en que se producen las proteínas”. Es por ello que en esta reconstrucción se distingue entre las subestructuras que se usan en el planteamiento de la pregunta acerca de la síntesis (por debajo de la línea punteada) y las que sirven para la obtención de la respuesta (por encima de la línea).

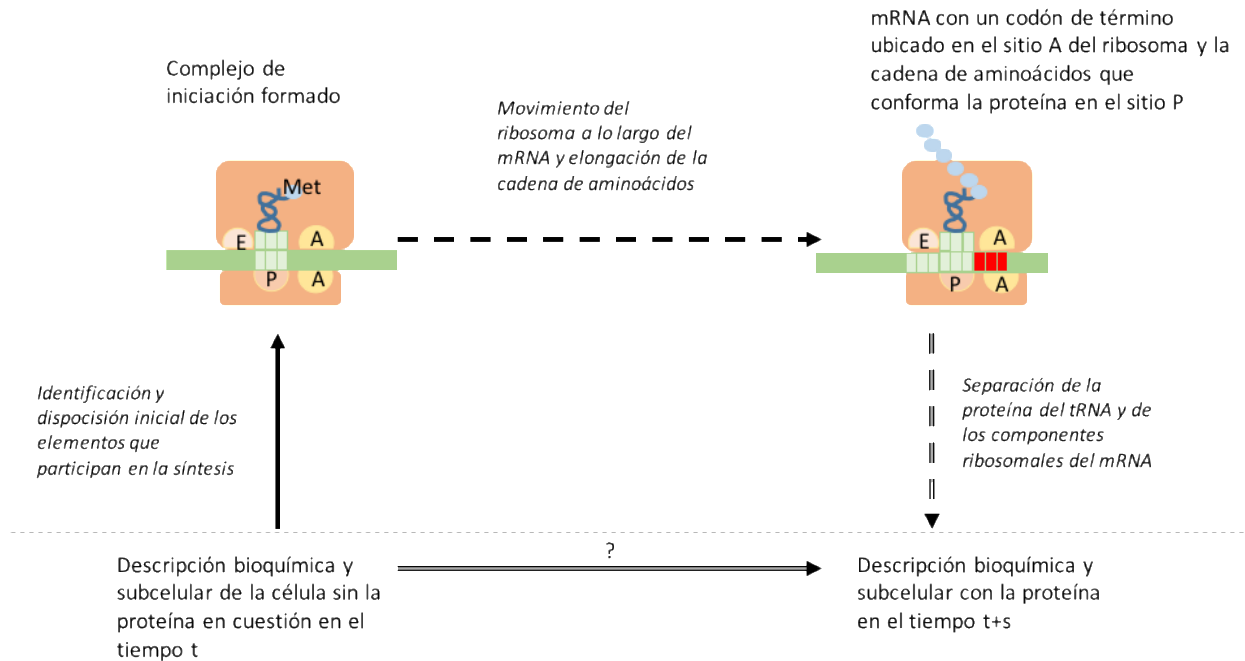


Figura 12. Diagrama del mecanismo de la síntesis de proteínas que destaca los flujos informativos de la pregunta o asunto y la respuesta. Constituido en tres momentos: inicio, elongación y término.

La pregunta está representada por tres componentes ubicados en la parte inferior del esquema: la flecha horizontal marcada con un signo de interrogación, su origen y su destino. Es con ellos que puede darse la formulación: *¿cómo, dentro de la célula, pasamos de un estado (en t) cuya descripción (en términos de una amplia gama de moléculas y organelos celulares de diferentes tipos) no incluye la proteína en cuestión, a otro estado posterior (t+s), cuya descripción sí la incluye?* De esta forma se nos indica que la pregunta acerca del mecanismo o proceso de elaboración de las proteínas es formulada en un contexto subcelular, biomolecular y temporalizado. Tanto el estado anterior como el posterior a la síntesis se describen en términos del tipo, abundancia, y ubicación de las especies bioquímicas

(moleculares) y organelos presentes en determinadas regiones de la célula en determinados momentos. Éste es el marco conceptual que delimita el territorio donde se ubican las aplicaciones intencionales, las cuales, prescriptivamente, deben describirse en términos que no presupongan la validez de las leyes enunciadas por el modelo o teoría—o de acuerdo con la metateoría estructuralista, en términos síntesis-proteica-no-teóricos.³⁹

En la parte superior en donde se plantea la respuesta, a fin de su presentación, se dividen las subestructuras en tres tipos o momentos: (i) las que realizan la introducción de términos teóricos, (ii) las que corresponden a una serie de transformaciones concatenables donde de manera justificada se obtienen determinados estados de cosas a partir de otros, y (iii) las que corresponden a la aplicación o desenlace que cierra la respuesta, pues permite obtener la situación buscada—en este caso, la descripción (en términos de biomoléculas y organelos celulares), de un estado que, de manera posterior al momento de inicio, incluye la proteína en cuestión. Las fases generales de la síntesis de proteínas se encuentran comprendidas por estos tres momentos: activación y constitución del complejo de iniciación en el primero, elongación en el segundo, y término y operaciones post-sintéticas en el último.

Esencialmente, los términos síntesis-proteica-teóricos son:

- a) Dos tipos de RNA. El RNA mensajero (mRNA) y el RNA de transferencia (tRNA).
- b) Un conjunto de factores de iniciación.

³⁹ Cabe destacar que el origen de estas descripciones se encuentra en la bioquímica o biología celular y no en el mecanismo de síntesis de proteínas.

- c) Un conjunto de factores de elongación.
- d) Un conjunto de factores de liberación.
- e) Un conjunto de aminoácidos activados y unidos a sus respectivos tRNA.
- f) Una función de activación que permite la unión de los aminoácidos con sus respectivos tRNA.
- g) Una función de identificación del metionil-tRNA.
- h) Una función de identificación de los codones del mRNA.
- i) Una función de identificación de los anticodones del tRNA.
- j) Una función de identificación de los tres sitios del ribosoma (A, P y E).
- k) Una serie de funciones, dependientes del tiempo, que nos permiten establecer el contenido molecular de los sitios del ribosoma.

La flecha negra ascendente abrevia una serie de funciones que en una sucesión de pasos operan sobre la descripción de inicio de la pregunta y que, tomadas de manera conjunta, nos indican, esencialmente, que en un determinado momento (i) se encuentra ensamblado el complejo de iniciación en donde las dos subunidades ribosomales se encuentran asociadas formando una sola unidad, la cual contiene también unido al mRNA de manera que en el sitio P de un ribosoma, un aminoacil-tRNA de inicio (Met-tRNA) (i) se encuentra apareado el codón de inicio (AUG) del mRNA. La formación de este complejo se da gracias a la participación coordinada de proteínas conocidas como factores de iniciación.

La flecha horizontal punteada en la parte superior representa la parte medular de la síntesis proteica: una sucesión temporal de estados o episodios que se encuentran concatenados en virtud de la permanencia o modificación coherente de las entidades que participan de la síntesis y de sus posiciones relativas. Mientras el

ribosoma se desplaza a lo largo del mRNA, el polipéptido naciente va creciendo conforme se va uniendo covalentemente una sucesión de unidades de aminoácidos, cada uno llevado al ribosoma y correctamente posicionado gracias a sus respectivos tRNA, cuyas bases del anticodón se corresponden con las del codón en el mRNA siguiendo el código de la figura 13.

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

Figura 14. Tabla que indica las relaciones entre codones y aminoácidos producidos. Original tomado de "The genetic code", de OpenStax College, Biología (CC BY 3.0).

Una vez que cada tRNA se ha quedado sin carga de aminoácidos, abandona el ribosoma. La elongación requiere de proteínas conocidas como factores de elongación. La disposición general de las moléculas que participan en diferentes momentos de la síntesis se puede observar en la figura 14.

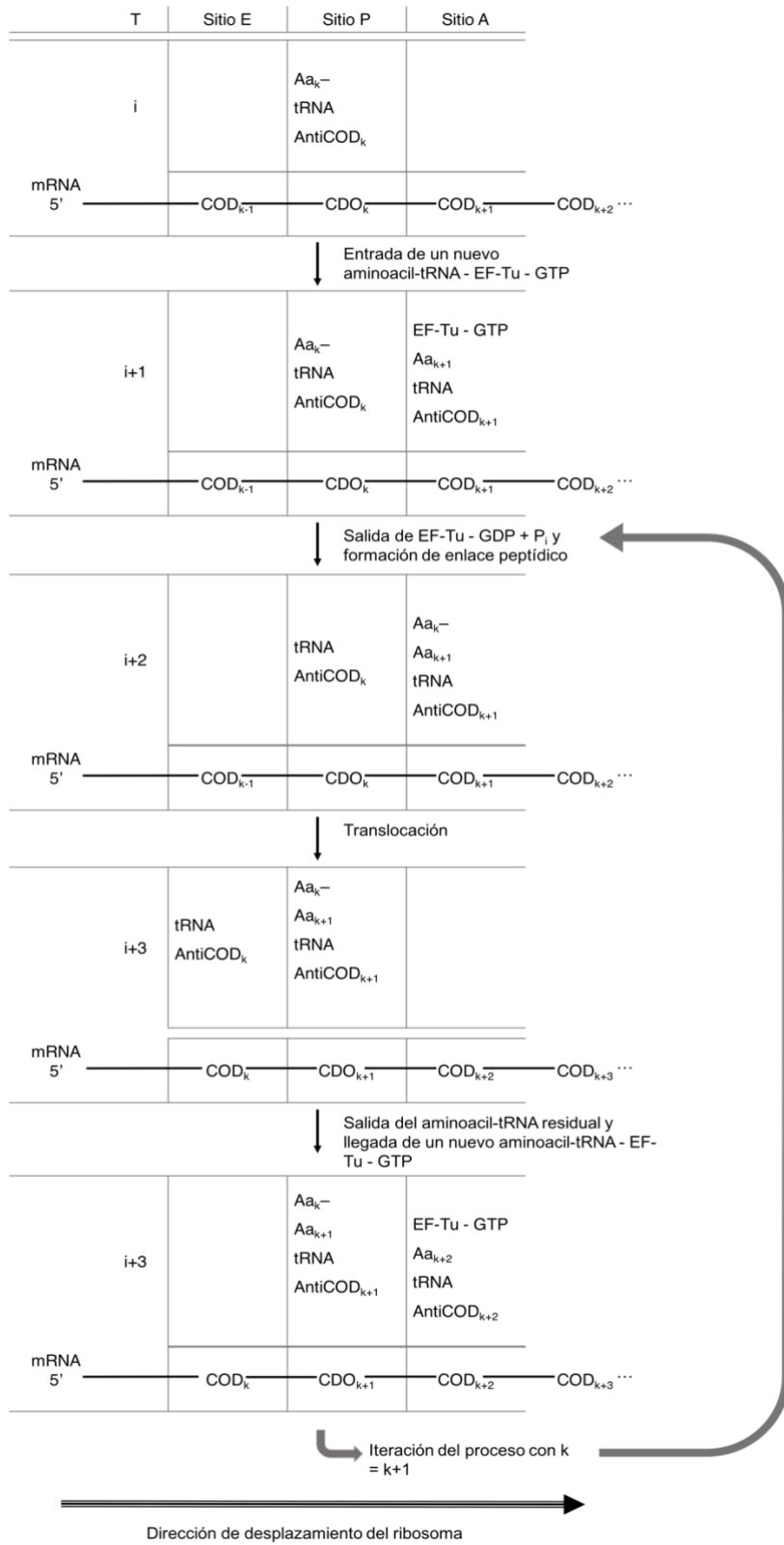


Figura 14. Sucesivos estados de ocupación de los diferentes sitios al interior del ribosoma. La columna de la izquierda representa el tiempo, indica el intervalo temporal del que se trata. El

resto de las columnas indican cuáles moléculas (o porciones de moléculas) ocupan los distintos sitios del ribosoma en la sucesión de instantes.

La flecha descendente con guiones dobles de la figura 12 representa el término de la síntesis. Al alcanzar el complejo ribosomal el codón de término, la cadena polipeptídica se separa del sistema molecular donde se ha formado, ayudada por proteínas conocidas como factores de término, y el complejo ribosomal se descompone. La cadena polipeptídica se expone ahora a los procesos post-sintéticos que le darán estructura y especificidad.

Con algo más de detalle, se incluye el grafo de la figura 15, el cual conserva la distinción de las tres etapas principales y permite observar de un vistazo el proceso completo descrito anteriormente.⁴⁰

⁴⁰ Hay que mencionar que las flechas del esquema no son solamente rayas no sistematizadas, como usualmente son empleadas en los esquemas del NM, por ejemplo, sino que representan funciones las cuales cumplen las propiedades matemáticas de conmutatividad, composición, etcétera.

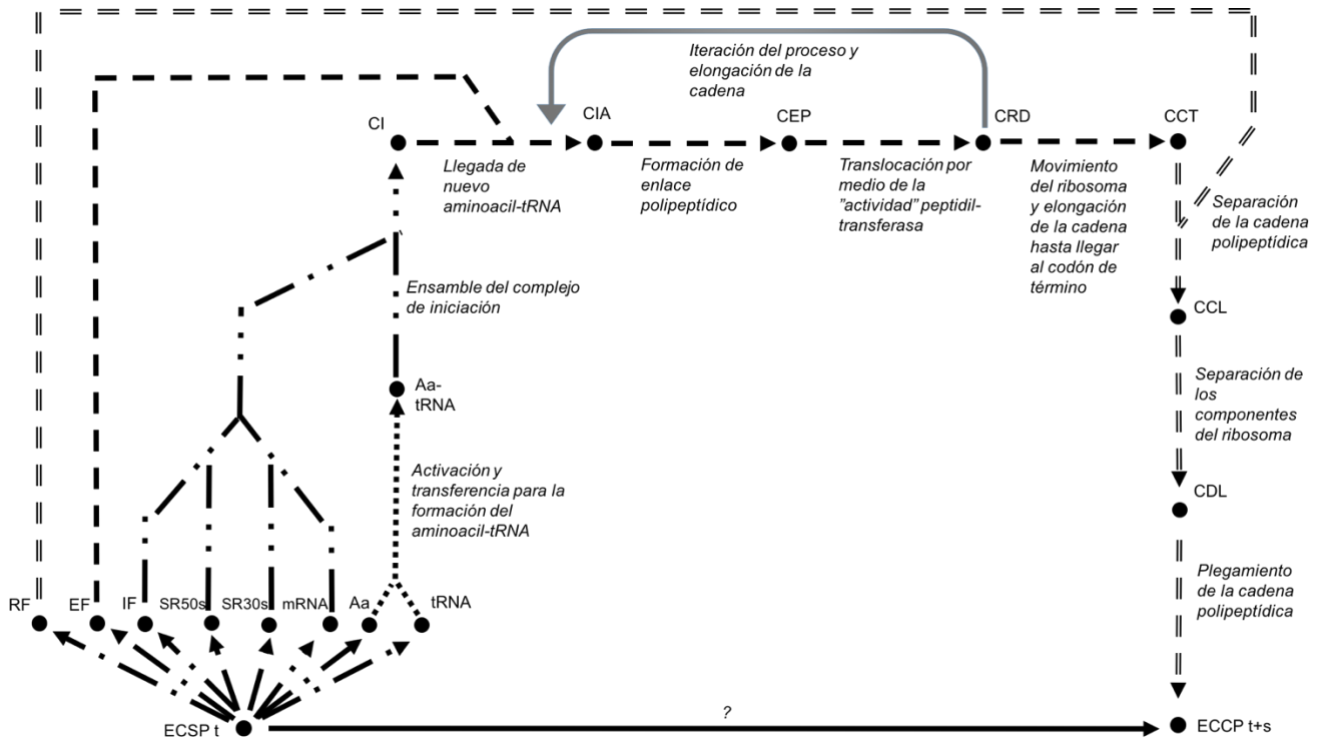


Figura 15. Los conjuntos que indican las entidades están representados por puntos y las funciones por flechas de diferentes estilos que indican las diferentes etapas del mecanismo. Las abreviaturas en las entidades tienen la siguiente interpretación: ECSP t (Estado celular sin proteína en tiempo t), RF (factores de liberación), EF (factores de elongación), IF (factores de iniciación), SR50s (subunidad ribosomal 50s), SR30s (subunidad ribosomal 30s), mRNA (RNA mensajero), Aa (aminoácidos), tRNA (ARN de transferencia), Aa-tRNA (aminoacil-tRNA), CI (complejo de iniciación), CIA (complejo de iniciación acoplado con aminoacil-tRNA), CEP (Complejo de iniciación acoplado con Aminoacil-tRNA con enlace peptídico entre los aminoácidos), CRD (Complejo con el ribosoma desplazado un codón en dirección 3' del mRNA), CCT (mRNA con un codón de término ubicado en el sitio A del ribosoma y la cadena de aminoácidos que conforma la proteína en el sitio P), CCL (Complejo con el factor de liberación colocado en el sitio A y la cadena de aminoácidos que conforma la proteína liberada), CCR (Complejo de iniciación desacoplado y cadena polipeptídica liberada), ECCP t+s (Estado celular con proteína en tiempo t+s).

Ahora que hemos visto cómo actúan las distintas entidades que participan de la síntesis proteica, resta señalar la ley del mecanismo, la cual, de manera sinóptica, postula la existencia y concatena o pone en relación, las diferentes entidades y funciones postuladas por el modelo. De modo que la ley—o *generalización accidental* si se prefiere—de la síntesis de proteínas postula la existencia de entidades subcelulares que interactúan de maneras específicas a fin de que la síntesis ocurra. Ésta quedaría enunciada de manera que,

“Para toda proteína existe:

- Una subunidad ribosomal 50s;
- Una subunidad ribosomal 30s;
- Un mRNA;
- Un conjunto de factores de iniciación;
- Un conjunto de factores de elongación;
- Un conjunto de factores de término;
- Un conjunto de amoniácidos;
- Un conjunto de tRNA específicos para cada aminoácido;
- Una función de identificación de los codones del mRNA;
- Una función de activación y transferencia para formar los aminoacil-tRNA;
- Una función de ensamblado que conforma el complejo de iniciación;
- Una función de identificación de los sitios del ribosoma (E, P, A);
- Un conjunto de funciones, dependientes del tiempo, que nos permiten establecer el contenido molecular de los sitios del ribosoma durante la

elongación; y

- Un conjunto de funciones que indican la separación del complejo de iniciación y liberación de la cadena polipeptídica y su posterior plegamiento post-síntesis.

tales que:

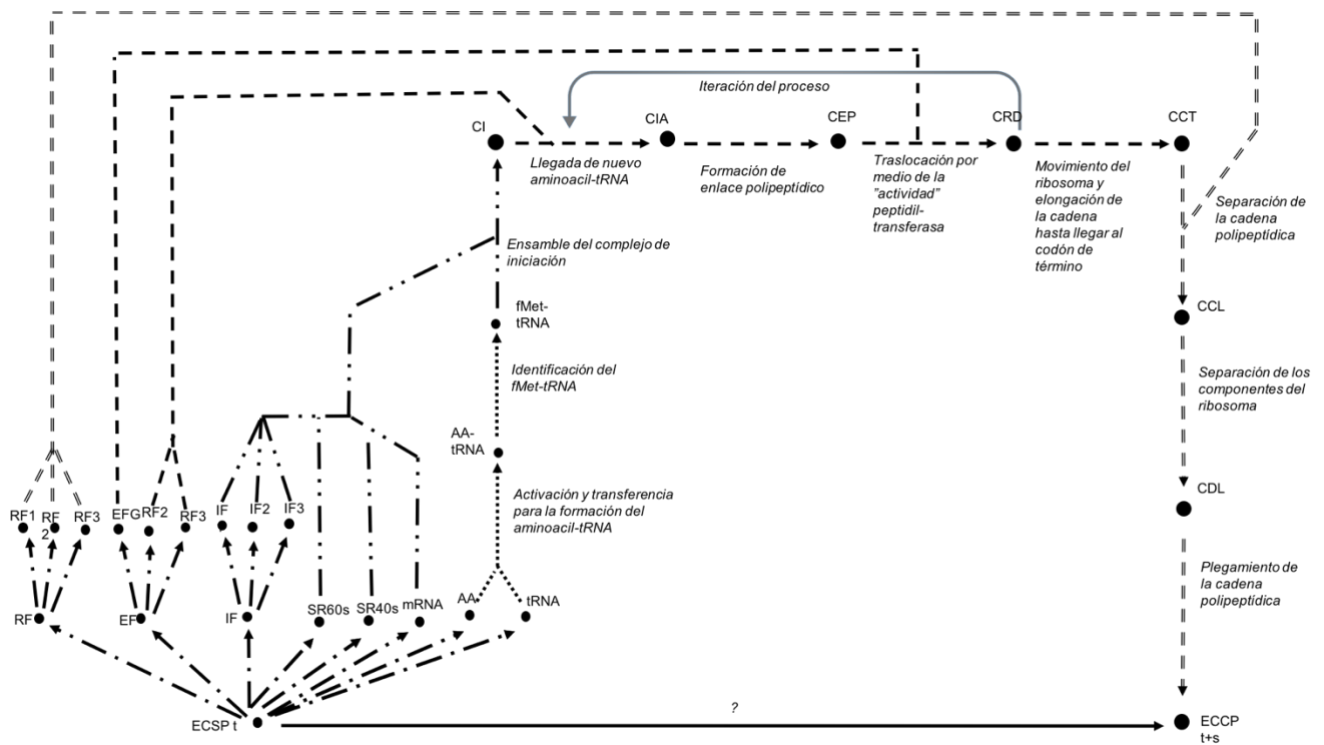
- En un determinado estadio inicial, los aminoácidos se unen a sus respectivos tRNA conformando los aminoacil-tRNA necesarios para entrar al complejo de iniciación y hacer crecer la cadena polipeptídica;
- En el siguiente momento, encontramos ensamblado un ribosoma funcional que contiene en su sitio P un aminoacil-tRNA de inicio apareado al codón de inicio del mRNA que se encuentra en el mismo sitio;
- En el instante posterior, al sitio A del complejo ribosomal llega un nuevo aminoacil-tRNA que aparea su anticodón al codón correspondiente según la clave dada por el código genético;
- El resto de las moléculas involucradas van dando lugar a una serie concatenada de episodios según la pauta de la figura 13 y lo indicado por la flecha descendente con guiones dobles.”

Empleándose así, las leyes presentan una estructura jerárquica, de manera que, a la constricción arriba indicada van añadiéndose otras, las cuales van abriendo sucesivamente distintas ramas. Estos agregados van especificando la naturaleza de las entidades y funciones cuya naturaleza se ha dejado parcialmente sin definir en las leyes anteriores de la rama. Conforme va creciendo, en los extremos de cada

rama obtenemos una formulación completamente especificada de la ley. Estas constricciones sucesivas se encuentran en una relación de especialización (Balzer et al., 1987).

De entre las posibles líneas de especialización, destacan los mecanismos de síntesis proteica para células eucariontes y células procariontes. Delineando los aspectos más generales de ambos casos, la estructura de los mecanismos puede capturarse con los grafos de la figura 16. Hay que destacar que gracias a su observación conjunta es posible apreciar que las principales diferencias estructurales entre ambos mecanismos recaen sobre los distintos valores en los coeficientes de sedimentación de las subunidades ribosomales y en la diferencia en número y distribución de los factores de inicio, elongación y término.

Procariontes



Eucariontes

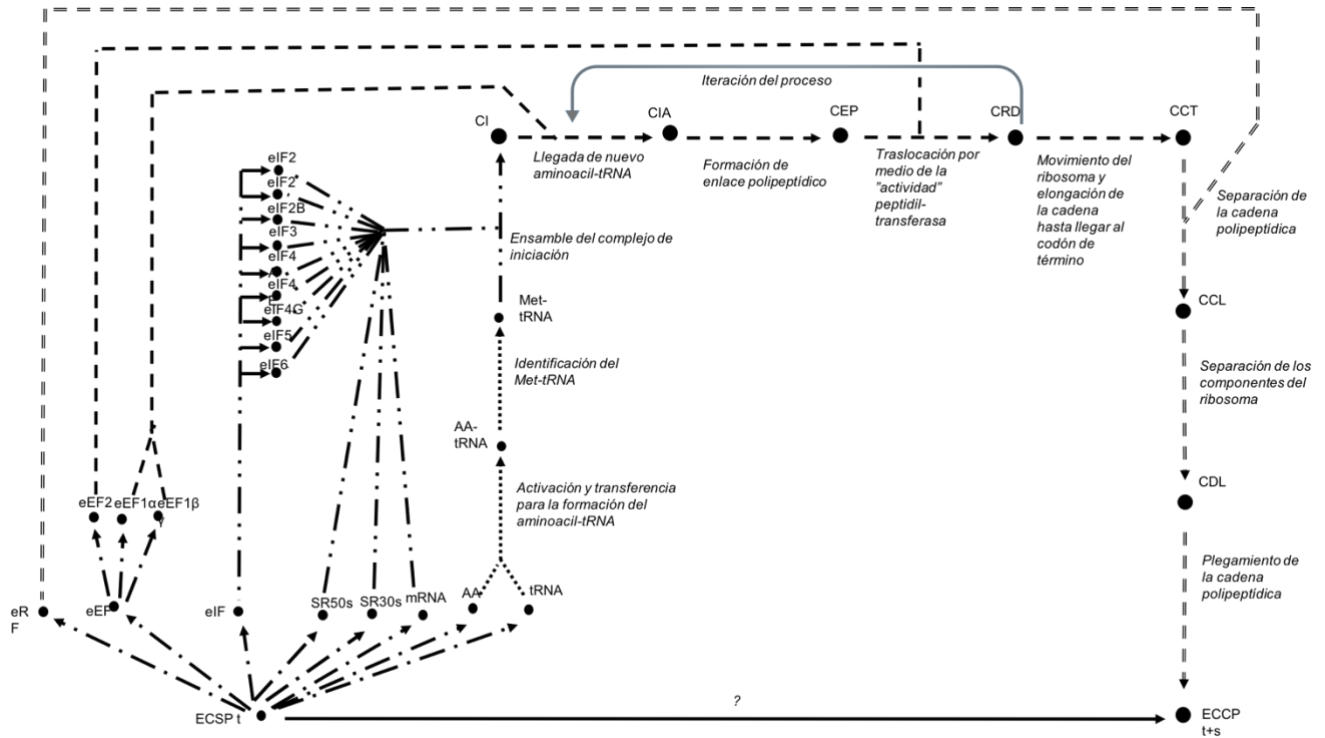


Figura 16. Grafos que representan dos líneas de especialización del mecanismo general de síntesis de proteínas: procariontes, arriba, y eucariontes, abajo. La principal diferencia radica en la cantidad y estructuras desplegadas en los conjuntos correspondientes a los factores de iniciación (IF), de elongación (EF) y de liberación (RF), la presencia de formil-metionina en procariontes y metionina en eucariontes como aminoácido de inicio, y los distintos coeficientes de sedimentación de las subunidades ribosomales. La interpretación de las abreviaturas conserva el código especificado en la figura 15.

Ahora que, si lo que se busca es una reconstrucción de una mucha mayor profundidad de la que se ha presentado hasta este momento, puede observarse el grafo del Anexo 1. En este diagrama se muestran procesos que, debido a las limitaciones del formato, quedaron ocultos en los ejemplos anteriores. Por ejemplo, en la reconstrucción del Anexo 1 es posible capturar la secuencia de interacción

entre los factores de iniciación con el resto de las entidades que conforman el complejo ribosomal, o la dinámica de reciclado de los diversos Factores de Elongación, entre otros procesos. Esta reconstrucción conserva los aspectos esenciales mostrados con anterioridad, pero con un mayor grado de consideración por el detalle.

Capítulo V

Conclusiones

0. Finalmente

En el primer capítulo de este trabajo expuse las principales características del llamado Nuevo Mecanicismo (NM) detallando los aspectos con los que me interesa dialogar. El primero de ellos es la buena cara del NM con respecto al uso de diagramas. Señalé que los neomecanicistas consideran que las representaciones pictóricas, y su necesario carácter bidimensional, son mejores herramientas para el razonamiento que las descripciones obligadamente lineales de un texto. Esto porque, comentan, los diagramas permiten mantener la complejidad de las interacciones en un mecanismo, a la vez que son útiles para delimitar el fenómeno a ser explicado, así como para identificar relaciones explicativas. Estoy de acuerdo con ellos y considero que las reconstrucciones grafo-modelo encarnan estas virtudes atribuidas a los diagramas, además de agregar una cierta precisión conceptual no necesariamente presente en otro tipo de representaciones pictóricas—en las que entidades y actividades, elementos constitutivos de un mecanismo, no quedan identificadas claramente pues se expresan de manera ambigua o incompleta⁴¹. La precisión conceptual de Grafo-modelo permite reconocer los aspectos más destacados de la explicación mecanicista, capturando los elementos (entidades) y relaciones (actividades) que la constituyen y la manera en que se articulan.

⁴¹ Si bien el Nuevo Mecanicismo admite la existencia de representaciones incompletas de los mecanismos, a los que denomina *sketches*, y no plantea como un problema la presencia de “cajas negras” al expresar pictóricamente un mecanismo—con lo que estoy de acuerdo—, cuando hablo de la ambigüedad o incompletud como deficiencias estoy refiriéndome no al desconocimiento de alguna parte del mecanismo (o conjunto de mecanismos) en los saberes científicos en un momento particular, sino a la falta de rigor representacional en la que se puede incurrir al ilustrar la estructura explicativa de un mecanismo.

El segundo aspecto del NM con el que me interesa dialogar es su rechazo a los marcos descriptivos basados en leyes. En este primer capítulo expuse algunas de las críticas que los neomecanicistas dirigen a la noción de “ley” favoreciendo así las descripciones en términos de mecanismos. Muestro que la restringida manera en que se interpreta “ley” desde el NM se basa en el problemático y rígido sentido del modelo nomológico-deductivo. Presento otras formas de entender “ley” que permiten lidiar con la contingencia y la excepción, de Sandra Mitchell y Roy Bhaskar, respectivamente. Estos sofisticados enfoques apuntan los mismos problemas que bien reconoce el NM sobre el enfoque nomológico-deductivo sin sugerir el abandono la noción de “ley”. Apoyado en esto sostengo que, a pesar de sus acertadas críticas, la propuesta neomecanicista debe seguir lidiando con los conceptos de generalidad, proyección, necesidad y universalidad, junto con la noción de ley que les acompaña. Termino mencionando que Grafo-modelo es un enfoque en términos de leyes y teorías que permite capturar y describir la estructura lógico-conceptual de un mecanismo— independientemente de mirar las leyes desde una visión pragmática como la de Mitchell, realista como Bhaskar o anti-leyes como la del NM. Insisto en que optar por una reconstrucción en términos grafo-modelo tiene la ventaja de capturar los aspectos más detallados de la explicación neomecanicista, pudiendo formular así, a pesar de la crítica del NM, la ley existencial correspondiente a un mecanismo dado⁴².

⁴² Una ley existencial en tanto que es tiene la forma de una generalización del tipo: “Para toda proteína existe: una subunidad ribosomal 50s, una subunidad ribosomal 30s, un mRNA, [...], tales que se comportan de una determinada manera *a*, otra *b*, una *c*, etcétera.”

En el segundo capítulo introduje los detalles de la metodología grafo-modelo con base en la que elaboré los diagramas que presento en el capítulo tercero. Esta metodología, como otras escuelas semanticistas, identifica a las teorías (o en este caso, mecanismos) con una cierta clase de modelos. Un modelo teórico (m) se representa por una tupla ordenada que incluye determinados dominios y funciones entre ellos ($m = D_1, D_2, \dots, f_1, f_2, \dots, f_n$). Comento además que dominios y relaciones deben satisfacer una serie jerarquizada de constricciones no accidentales, tanto estructurales como funcionales, propias de la teoría. Tales constricciones se denominan leyes.

Incluyo en este segundo capítulo una comparación entre varias características de Grafo-modelo y la Concepción Estructuralista de las teorías—enfoque semanticista del cual deriva el primero—que se encuentra solamente de manera fraccionaria en otros textos del tema. Ilustro algunas de estas diferencias valiéndome de la reconstrucción la Teoría Unigamética de la Fecundación desde ambos enfoques.

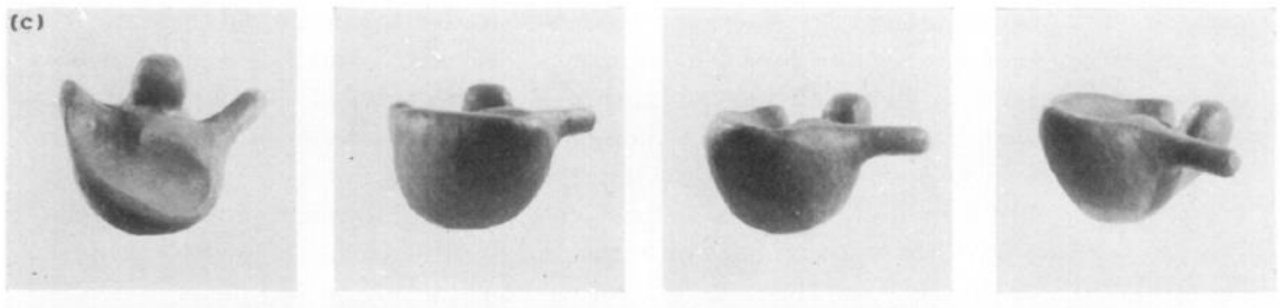
Las reconstrucciones en formato grafo que expongo en el tercer capítulo ilustran mi punto sobre la posibilidad de una explicación mecanicista (i.e. dar cuenta del mecanismo subyacente a un fenómeno determinado) en términos de leyes, conservando los beneficios de la representación diagramática que el NM destaca. Para ello, he utilizado el mecanismo de la síntesis de proteínas como ejemplo. Este mecanismo, como menciono al principio el capítulo, destaca por engarzar dos importantes campos de la biología: es el mecanismo central para la expresión genética en biología molecular y tiene igual importancia en la síntesis de enzimas y proteínas estructurales en el estudio del metabolismo en bioquímica. Muestro diferentes reconstrucciones originales que varían según su nivel de profundidad,

cada una destacando las cinco fases principales del mecanismo: i) la activación de los aminoacil-tRNA, ii) el ensamblaje del complejo de la síntesis de proteínas, iii) el proceso de elongación de la cadena polipeptídica, iv) la etapa de liberación y término y v) los procesos post-sintéticos. Si bien estas etapas se incluyen tal cual en los diferentes libros de texto consultados para las reconstrucciones, los esquemas que ahí se incluyen se presentan de manera fraccionaria y no permiten apreciar el mecanismo de manera completa, es decir, con todas las entidades postuladas para su funcionamiento y las relaciones que mantienen entre ellas⁴³. Las reconstrucciones que he elaborado, en especial la que se incluye como anexo debido a su gran extensión, muestran estas entidades y sus relaciones en un solo diagrama que conserva la complejidad de la estructura del mecanismo. Es mediante estas reconstrucciones que me es posible enunciar la ley de la síntesis de proteínas, la cual postula la existencia de entidades subcelulares que interactúan de maneras específicas a fin de que la síntesis ocurra, la cual puede consultarse de manera extensa en el capítulo.

Concluyo luego de este recorrido que la formulación de la síntesis proteica en términos de mecanismos no es incompatible con su formulación en términos de modelos y leyes, como mi reconstrucción del mecanismo me permite sostener. Considero que, en principio, esta conclusión no se restringe sólo al proceso de

⁴³ Los libros consultados para elaborar las reconstrucciones de la estructura lógico-conceptual del mecanismo de síntesis de proteínas pueden encontrarse enlistados en la introducción al tercer capítulo, o bien pueden consultarse en la página <https://www.bioc.cam.ac.uk/teaching/second-year/bmb/reading-list> en donde se les identifica como “Leading general biochemistry texts”.

generación de proteínas, sino que puede ser extendida a la totalidad de mecanismos postulados en biología molecular. Considero que valdría la pena dar continuidad al esfuerzo aquí presente y darse a la tarea de, eventualmente, expandir la reconstrucción del mecanismo con sus líneas de especialización, buscando abarcar aspectos como, por ejemplo: (i) el tipo particular de estructuras ribosomales presentes a lo largo de los grandes dominios biológicos (*Archaea*, *Bacteria* y *Eukarya*), pudiendo llegar a la particularización de especies biológicas; (ii) el tipo de codones de inicio; (iii) el tipo de codones de término, (iii) familias particulares de proteínas o incluso proteínas específicas; etcétera; así como la interrelación con otros mecanismos ya sean previos, posteriores o alternos.



Modelados de subunidad mayor de *E. coli* de Lake (1976).

Referencias

- Abrahamsen, A., & Bechtel, W. (2015). Diagrams as Tools for Scientific Reasoning. *Review of Philosophy and Psychology*, 6(1), 117–131. <https://doi.org/10.1007/s13164-014-0215-2>
- Alleva, K., Díaz, J. A., & Federico, L. (2012). La teoría MWC (Monod, Wyman y Changeux): el sistema alostérico. *Agora: papeles de Filosofía*, 31(2).
- Aréchiga Córdova, V. (1987). *Realismo Trascendental* (Teis de Licenciatura). Universidad Nacional Autónoma de México, México, D.F.
- Balzer, W., Moulines, C. U., & Sneed, J. D. (1987). *An Architectonic for Science: the Structuralist Program*. Dordrecht: Springer Netherlands. Recuperado de <http://public.ebib.com/choice/publicfullrecord.aspx?p=3108005>
- Bechtel, W. (2009). Looking down, around, and up: Mechanistic explanation in psychology. *Philosophical Psychology*, 22(5), 543–564. <https://doi.org/10.1080/09515080903238948>
- Bechtel, W. (2011). Mechanism and Biological Explanation*. *Philosophy of Science*, 78(4), 533–557. <https://doi.org/10.1086/661513>
- Bechtel, W., & Abrahamsen, A. (2005). Explanation: a mechanist alternative. *Studies in History and Philosophy of Science Part C: Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences*, 36(2), 421–441. <https://doi.org/10.1016/j.shpsc.2005.03.010>
- Bechtel, W., & Abrahamsen, A. (2007). In search of mitochondrial mechanisms: interfield excursions between cell biology and biochemistry. *Journal of the History of Biology*, 40(1), 1–33.

- Bechtel, W., & Abrahamsen, A. (2011). Complex biological mechanisms: Cyclic, oscillatory, and autonomous. En C. A. Hooker (Ed.), *Philosophy of complex systems* (pp. 257–286). Amsterdam; Boston: Elsevier/North-Holland. Recuperado de <http://public.eblib.com/choice/publicfullrecord.aspx?p=712213>
- Bechtel, W., & Richardson, R. C. (2010). *Discovering complexity: decomposition and localization as strategies in scientific research* (MIT Press ed.). Cambridge, Mass: MIT Press.
- Berg, J. M., Tymoczko, J. L., & Stryer, L. (2012). *Biochemistry: this edition is for use outside the USA and Canada* (7. ed., international ed., [Nachdr.]). New York, NY: Freeman, Palgrave Macmillan.
- Bergmann, M., & Fraenkel-Conrat, H. (s/f). The rôle of specificity in the enzymatic synthesis of proteins: synthesis with intracellular enzymes. *Journal of Biological Chemistry*, 119, 707–720.
- Bergmann, Max. (2006). A Classification of Proteolytic Enzymes. En F. F. Nord & C. H. Werkman (Eds.), *Advances in Enzymology - and Related Areas of Molecular Biology* (pp. 49–68). Hoboken, NJ, USA: John Wiley & Sons, Inc. <https://doi.org/10.1002/9780470122471.ch3>
- Bergmann, Max, & Fruton, J. S. (1938). SOME SYNTHETIC AND HYDROLYTIC EXPERIMENTS WITH CHYMOTRYPSIN. *Journal of Biological Chemistry*, 124(1), 321–329.
- Bergmann, Max, & Fruton, J. S. (2006). The Specificity of Proteinases. En F. F. Nord & C. H. Werkman (Eds.), *Advances in Enzymology - and Related Areas of Molecular Biology* (pp. 63–98). Hoboken, NJ, USA: John Wiley & Sons, Inc. <https://doi.org/10.1002/9780470122464.ch3>

- Bhaskar, R. (2008). *A realist theory of science*. London; New York: Routledge.
- Borsook, H., & Huffman, H. (1938). Some thermodynamical considerations of amino acids, peptides and related substances. En L. A. Schmidt (Ed.), *Chemistry of the Amino Acids and Proteins*. Springfield, Illinois: H. M. Thomas Publishing, Co.
- Borsook, Henry, & Dubnoff, J. W. (1940). The Biological Synthesis of Hippuric Acid in Vitro. *Journal of Biological Chemistry*, 132(1), 307–324.
- Burnston, D. C. (2016). Data graphs and mechanistic explanation. *Studies in History and Philosophy of Science Part C: Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences*, 57, 1–12. <https://doi.org/10.1016/j.shpsc.2016.01.002>
- Cartwright, N. (2008). Reply to Ulrich Gähde. En N. Cartwright, S. Hartmann, C. Hofer, & L. Bovens (Eds.), *Nancy Cartwright's philosophy of science* (pp. 65–66). New York: Routledge.
- Casanueva, M. (2003). *Mendeliana*. Miguel Angel Porrúa. Recuperado de <http://public.ebib.com/choice/publicfullrecord.aspx?p=4423156>
- Casanueva, M. (2005). Los modelos en la filosofía de la ciencia del siglo XX. En A. López Austin (Ed.), *El modelo en la ciencia y la cultura* (pp. 29–53). México: Siglo XXI : UNAM.
- Casanueva, M. (2009). Transmisión visual del conocimiento. En M. Casanueva & B. Bolados (Eds.), *El giro pictórico: epistemología de la imagen* (pp. 213–234). Rubí, Barcelona, España: Anthropos México, D.F. Universidad Autónoma Metropolitana Cuajimalpa.
- Casanueva, M., & Madrigal, R. (2016). Informational flows, mechanisms and models in protein synthesis. *Scientiae Studia*, 14(1), 175–197.

- Casanueva, M., & Méndez, D. C. (2008). Teoría y experimento en Genética Mendeliana: una exposición en imágenes. *THEORIA. Revista de Teoría, Historia y Fundamentos de la Ciencia*, 23(3), 285–306.
- Casanueva, M., & Méndez, D. C. (2012). Poblaciones de modelos y dinámicas científicas. *Stoa*, 3(5). Recuperado de <http://revistas.uv.mx/index.php/Stoa/article/view/436>
- Craver, C. F. (2001). Role Functions, Mechanisms, and Hierarchy. *Philosophy of Science*, 68(1), 53–74. <https://doi.org/10.1086/392866>
- Craver, C. F. (2007). *Explaining the brain: mechanisms and the mosaic unity of neuroscience*. Oxford: New York : Oxford University Press: Clarendon Press.
- Craver, C. F. (2008). Physical Law and Mechanistic Explanation in the Hodgkin and Huxley Model of the Action Potential. *Philosophy of Science*, 75(5), 1022–1033. <https://doi.org/10.1086/594543>
- Craver, C. F. (2014). The ontic account of scientific explanation. En M. I. Kaiser, O. R. Scholz, D. Plenge, & A. Hüttemann (Eds.), *Explanation in the Special Sciences* (pp. 27–52). Dordrecht: Springer Netherlands. <https://doi.org/10.1007/978-94-007-7563-3>
- Craver, C. F., & Darden, L. (2013). *In search of mechanisms: discoveries across the life sciences*. Chicago ; London: The University of Chicago Press.
- Craver, C. F., & Kaiser, M. I. (2013). Mechanisms and laws: clarifying the debate. En H.-K. Chao, S.-T. Chen, & R. L. Millstein (Eds.), *Mechanism and Causality in Biology and Economics* (Vol. 3, pp. 125–145). Dordrecht: Springer Netherlands. <https://doi.org/10.1007/978-94-007-2454-9>

- Craver, C. F., & Tabery, J. (2017, Spring Edition 2016). Mechanisms in Science [Web Encyclopedia of Philosophy]. Recuperado de <https://plato.stanford.edu/archives/spr2017/entries/science-mechanisms/>
- Crick, F. (1970). Central Dogma of Molecular Biology. *Nature*, 227(5258), 561–563. <https://doi.org/10.1038/227561a0>
- Crick, F. H. (1958). On protein synthesis. *Symposia of the Society for Experimental Biology*, 12, 138–163.
- Curd, M., & Cover, J. A. (Eds.). (1998). *Philosophy of science: the central issues* (1st ed). New York: W.W. Norton.
- Darden, L. (2002). Strategies for Discovering Mechanisms: Schema Instantiation, Modular Subassembly, Forward/Backward Chaining. *Philosophy of Science*, 69(S3), S354–S365. <https://doi.org/10.1086/341858>
- Darden, L. (2006a). Flow of Information in Molecular Biological Mechanisms. *Biological Theory*, 1(3), 280–287. <https://doi.org/10.1162/biot.2006.1.3.280>
- Darden, L. (2006b). *Reasoning in Biological Discoveries: Essays on Mechanisms, Interfield Relations, and Anomaly Resolution*. Cambridge: Cambridge University Press. <https://doi.org/10.1017/CBO9780511498442>
- Darden, L. (2008). Thinking Again about Biological Mechanisms. *Philosophy of Science*, 75(5), 958–969. <https://doi.org/10.1086/594538>
- Darden, L. (2013). Mechanisms and laws: clarifying the debate. En H.-K. Chao, S.-T. Chen, & R. L. Millstein (Eds.), *Mechanism and Causality in Biology and Economics* (Vol. 3, pp. 125–145). Dordrecht: Springer Netherlands. <https://doi.org/10.1007/978-94-007-2454-9>

- Darden, L., & Craver, C. (2002). Strategies in the interfield discovery of the mechanism of protein synthesis. *Studies in History and Philosophy of Science Part C: Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences*, 33(1), 1–28. [https://doi.org/10.1016/S1369-8486\(01\)00021-8](https://doi.org/10.1016/S1369-8486(01)00021-8)
- Descartes, R. (1990). *El tratado del hombre*. Madrid: Alianza Editorial.
- Díez, J. A., & Moulines, C. U. (1999). Fundamentos de filosofía de la ciencia.
- Dobzhansky, T. (1973). Nothing in Biology Makes Sense except in the Light of Evolution. *The American Biology Teacher*, 35(3), 125–129. <https://doi.org/10.2307/4444260>
- Glennan, S. (2002). Rethinking Mechanistic Explanation. *Philosophy of Science*, 69(S3), S342–S353. <https://doi.org/10.1086/341857>
- Glennan, S. (2005). Modeling mechanisms. *Studies in History and Philosophy of Science Part C: Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences*, 36(2), 443–464. <https://doi.org/10.1016/j.shpsc.2005.03.011>
- Glennan, S. (2009). Productivity, relevance and natural selection. *Biology & Philosophy*, 24(3), 325–339. <https://doi.org/10.1007/s10539-008-9137-7>
- Glennan, S. (2014). Carl F. Craver and Lindley Darden: In Search of Mechanisms: Discoveries Across the Life Sciences: University of Chicago Press, Chicago, 2013, ISBN: 978-0-226-03979-4, 228 pp, USD 75.00 (Hardcover), USD 25.00 (Softcover). *Science & Education*, 23(7), 1555–1558. <https://doi.org/10.1007/s11191-014-9702-1>
- Gonzalo, A. (2012). La distinción entre términos T-teóricos y T-no-teóricos. Compromisos ontosemánticos. *Stoa*, 3(5), 13–35.

- Hempel, C. G. (1970). *Aspects of scientific explanation ; and other essays in the philosophy of science*. New York; London: Free Press ; Collier Macmillan.
- Hempel, C. G., & Oppenheim, P. (1948). Studies in the Logic of Explanation. *Philosophy of Science*, 15(2), 135–175. <https://doi.org/10.1086/286983>
- Humphreys, P., Chakravartty, A., Morrison, M., & Woody, A. (Eds.). (2016). *The Oxford handbook of philosophy of science*. New York, NY: Oxford University Press.
- Illari, P. (2013). Mechanistic Explanation: Integrating the Ontic and Epistemic. *Erkenntnis*, 78(S2), 237–255. <https://doi.org/10.1007/s10670-013-9511-y>
- Illari, P. M., & Williamson, J. (2012). What is a mechanism? Thinking about mechanisms across the sciences. *European Journal for Philosophy of Science*, 2(1), 119–135. <https://doi.org/10.1007/s13194-011-0038-2>
- Kalckar, H. M. (1941). The Nature of Energetic Coupling in Biological Syntheses. *Chemical Reviews*, 28(1), 71–178. <https://doi.org/10.1021/cr60089a002>
- Keller, E. G. (s/f). Turnover of proteins of cell fractions of adult rat liver in vivo. *Federation Proceedings*, 10, 206.
- Kuhn, T. S. (1977). Theory-Change as Structure-Change: Comments on the Sneed Formalism. En R. E. Butts & J. Hintikka (Eds.), *Historical and Philosophical Dimensions of Logic, Methodology and Philosophy of Science* (pp. 289–309). Dordrecht: Springer Netherlands. https://doi.org/10.1007/978-94-017-1780-9_15
- Lake, J. A. (1976). Ribosome structure determined by electron microscopy of *Escherichia coli* small subunits, large subunits and monomeric ribosomes. *Journal of Molecular Biology*, 105(1), 131–139.

- Leuridan, B. (2010). Can Mechanisms Really Replace Laws of Nature?*. *Philosophy of Science*, 77(3), 317–340. <https://doi.org/10.1086/652959>
- Lipmann, F. (2006). Metabolic Generation and Utilization of Phosphate Bond Energy. En F. F. Nord & C. H. Werkman (Eds.), *Advances in Enzymology - and Related Areas of Molecular Biology* (pp. 99–162). Hoboken, NJ, USA: John Wiley & Sons, Inc. <https://doi.org/10.1002/9780470122464.ch4>
- Lodish, H. F. (Ed.). (2013). *Molecular cell biology* (7th ed). New York: W.H. Freeman and Co.
- Lofffield, R. B., Grover, J. W., & Stephenson, M. L. (1953). Possible Role of Proteolytic Enzymes in Protein Synthesis. *Nature*, 171(4362), 1024–1025. <https://doi.org/10.1038/1711024a0>
- Machamer, P., Darden, L., & Craver, C. F. (2000). Thinking about Mechanisms. *Philosophy of Science*, 67(1), 1–25. <https://doi.org/10.1086/392759>
- Machamer, P. K., Grush, R., McLaughlin, P., Craver, C. F., & Darden, L. (Eds.). (2001). Discovering mechanisms in neurobiology: the case of spatial memory. En *Theory and method in the neurosciences* (pp. 112–137). Pittsburgh, Pa: University of Pittsburgh Press.
- Mayr, E. (1982). *The growth of biological thought: diversity, evolution, and inheritance*. Cambridge, Mass.: Harvard Univ. Pr.
- McKinsey, J., & Suppes, P. (1953). Philosophy and the Axiomatic Foundations of Physics: *Proceedings of the XIth International Congress of Philosophy*, 6, 49–54. <https://doi.org/10.5840/wcp1119536164>
- Méndez, D. C. (2012). Grafos representacionales: herramientas para la transmisión visual del conocimiento científico y su aplicabilidad a la comunicación en torno a

- la sustentabilidad. En R. Gómez García & A. Dorcé Ramos (Eds.), *Comunicación y cultura. Problemas comunes en el contexto de la digitalización* (pp. 253–284). México, D.F.: Universidad Autónoma Metropolitana.
- Mitchell, S. D. (1997). Pragmatic Laws. *Philosophy of Science*, 64, S468–S479.
<https://doi.org/10.1086/392623>
- Mitchell, S. D. (2000). Dimensions of Scientific Law. *Philosophy of Science*, 67(2), 242–265. <https://doi.org/10.1086/392774>
- Monod, J., Wyman, J., & Changeux, J.-P. (1965). On the nature of allosteric transitions: A plausible model. *Journal of Molecular Biology*, 12(1), 88–118.
[https://doi.org/10.1016/S0022-2836\(65\)80285-6](https://doi.org/10.1016/S0022-2836(65)80285-6)
- Morgan, T. H. (2009). *The mechanism of Mendelian heredity*. Whitefish: Kessinger.
- Moulines, C. U. (1982). *Exploraciones metacientíficas: estructura, desarrollo y contenido de la ciencia*. Madrid: Alianza Editorial.
- Moulines, C. U. (2011). *El desarrollo moderno de la filosofía de la ciencia [1890-2000]*. México, D.F.: Universidad Nacional Autónoma de México. Instituto de Investigaciones Filosóficas.
- Nagel, E. (1964). The Structure of Science: Problems in the Logic of Scientific Explanation. *The Philosophical Review*, 73(1), 104.
<https://doi.org/10.2307/2183206>
- Nagel, T. (1974). What Is It Like to Be a Bat? *The Philosophical Review*, 83(4), 435.
<https://doi.org/10.2307/2183914>
- Nelson, D. L., & Cox, M. M. (2013). *Lehninger principles of biochemistry* (6th ed). New York: W.H. Freeman and Company.

- Nicholson, D. J. (2012). The concept of mechanism in biology. *Studies in History and Philosophy of Science Part C: Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences*, 43(1), 152–163.
<https://doi.org/10.1016/j.shpsc.2011.05.014>
- Peris-Viñé, L. M. (Ed.). (2012). *Filosofía de la ciencia en Iberoamérica: metateoría estructural*. Madrid: Tecnos.
- Rheinberger, H.-J. (1997). *Toward a history of epistemic things: synthesizing proteins in the test tube*. Stanford, Calif: Stanford University Press.
- Rheinberger, H.-J. (2006). The Notions of Regulation, Information, and Language in the Writings of François Jacob. *Biological Theory*, 1(3), 261–267.
<https://doi.org/10.1162/biot.2006.1.3.261>
- Salmon, W. C. (1988). Scientific Explanation and the Causal Structure of the World. *The Philosophical Review*, 97(3), 444. <https://doi.org/10.2307/2185459>
- Schurz, G. (2013). Mechanisms and laws: clarifying the debate. En H.-K. Chao, S.-T. Chen, & R. L. Millstein (Eds.), *Mechanism and Causality in Biology and Economics* (Vol. 3, pp. 125–145). Dordrecht: Springer Netherlands.
<https://doi.org/10.1007/978-94-007-2454-9>
- Sheredos, B., Burnston, D., Abrahamsen, A., & Bechtel, W. (2013). Why Do Biologists Use So Many Diagrams? *Philosophy of Science*, 80(5), 931–944.
<https://doi.org/10.1086/674047>
- Siekevitz, P. (1952). Uptake of Radioactive Alanine in Vitro into the Proteins of Rat Liver Fractions. *Journal of Biological Chemistry*, 195(2), 549–565.
- Siekevitz, P., & Zamecnik, P. C. (1951). In vitro incorporation of 1-C¹⁴-DL-alanine into proteins of rat liver granular fractions. *Federation Proceedings*, 10, 246–247.

- Sneed, J. D. (1971). *The Logical Structure of Mathematical Physics*. Springer Science+Business Media B.V.
- Stegmüller, W. (1979). *The structuralist view of theories: a possible analogue of the Bourbaki programme in physical science*. Berlin: Springer.
- Tabery, J. G. (2004). Synthesizing Activities and Interactions in the Concept of a Mechanism*. *Philosophy of Science*, 71(1), 1–15. <https://doi.org/10.1086/381409>
- Tarski, A. (s/f). Contributions to the theory of models, I. *Indagationes Mathematicae*, 16, 572–581.
- Tarski, Alfred. (1983). *Logic, semantics, metamathematics: papers from 1923 to 1938* (2nd ed). Indianapolis, Ind: Hackett Pub. Co.
- van Fraassen, B. C. (1993). Laws and Symmetry. *The Philosophical Review*, 102(3), 408. <https://doi.org/10.2307/2185907>
- Watson, J. D. (Ed.). (2014). *Molecular biology of the gene* (Seventh edition). Boston: Pearson.
- Woodward, J. (2002). What Is a Mechanism? A Counterfactual Account. *Philosophy of Science*, 69(S3), S366–S377. <https://doi.org/10.1086/341859>
- Woodward, J. (2015). Scientific explanation. En L. Sklar (Ed.), *Physical theory: method and interpretation* (pp. 9–39). Oxford: Oxford Univ. Press.
- Zamecnik, P. C., & Keller, E. B. (1954). Relation between phosphate energy donors and incorporation of labeled amino acids into proteins. *The Journal of Biological Chemistry*, 209(1), 337–354.
- Zamecnik, Paul C. (1979). Historical Aspects of Protein Synthesis. *Annals of the New York Academy of Sciences*, 325(1 The Origins o), 269–302. <https://doi.org/10.1111/j.1749-6632.1979.tb14140.x>

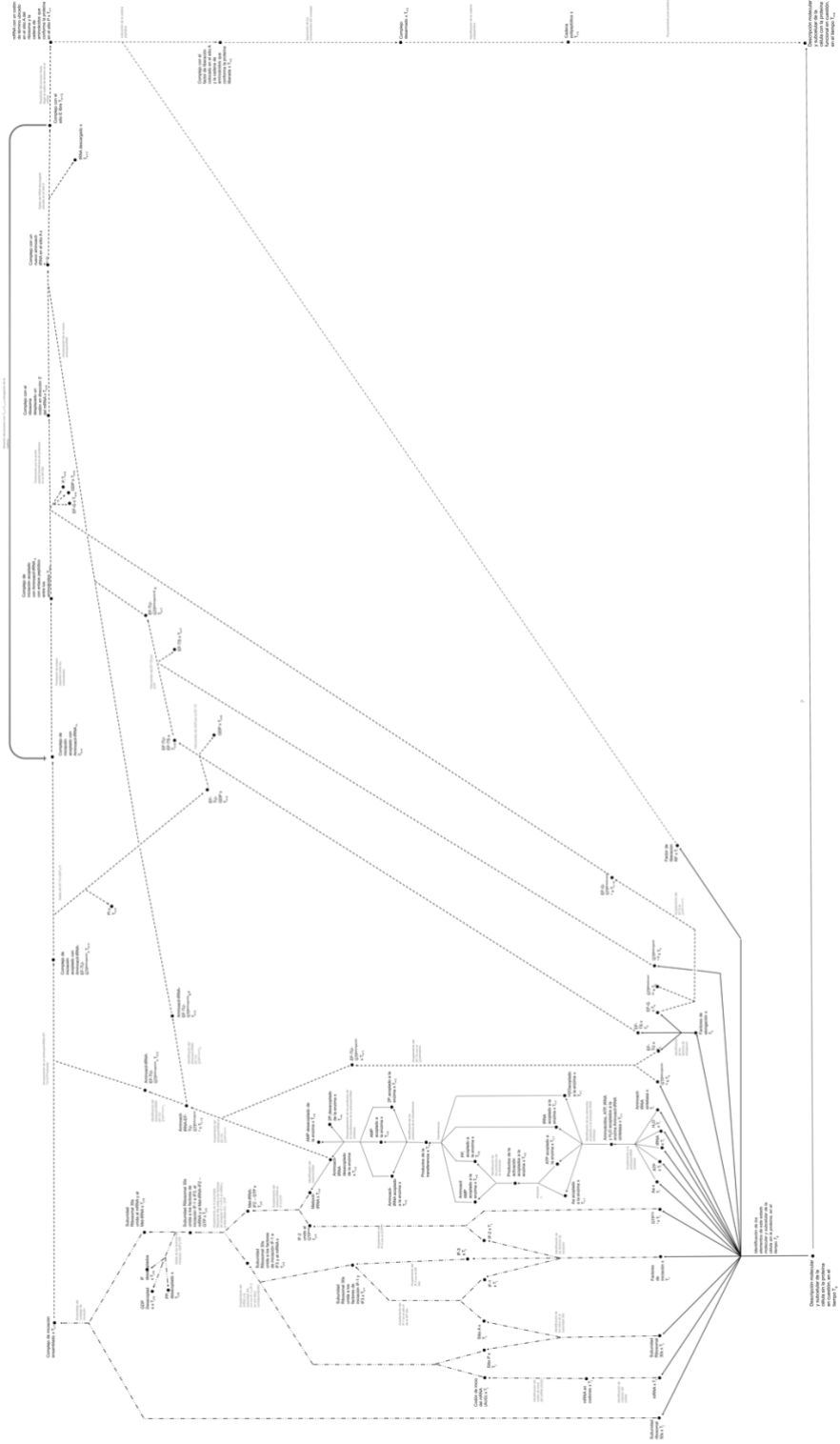
Anexo 1

Reconstrucción Grafo-Modelo de la Síntesis de Proteínas a Detalle

A. Reconstrucción con apoyos gráficos



B. Reconstrucción conjuntista



Anexo 2

Diccionario de términos lógicos

Para apoyar a quien no encuentre familiaridad con la notación técnica propia de las ciencias formales, y por ello se encuentre en problemas al enfrentar la reconstrucción estructuralista de la Teoría Unigamética de la Fecundación, que en mi texto incluyo, he decidido elaborar este resumen de los símbolos utilizados y su significado.

De manera que,

- $\forall x$ es el *cuantificador universal*, que si se antepone a una variable indica que "para todo" elemento de un cierto conjunto se cumple la proposición dada a continuación.
- \exists es el *cuantificador existencial*, que se antepone a una variable para decir que "existe" al menos un elemento del conjunto al que hace referencia la variable, que cumple la proposición escrita a continuación.
- $a \in A$ significa que a es un *elemento* del conjunto A
- $\{a, b, c\}$ indica que el conjunto consta de los elementos a , b y c .

- Si A y B son dos conjuntos, $A \cup B$ es su *unión* y $A \cap B$ su *intersección*.
- $\langle a, b \rangle$ es el *par ordenado* de los elementos a y b .
- Si A y B son dos conjuntos, $A \times B$ indica su *producto cartesiano*, es decir, el conjunto de todos los pares ordenados
- Si A es un conjunto, $\wp(A)$ es el conjunto potencia de A ; es decir, el conjunto de todos los subconjuntos de A .
- \aleph_0 (leído como *álef cero*) representa la cantidad de elementos de un conjunto infinito como el de los números naturales.