

## INFORMACION Y EVOLUCION

Alfredo Marcos

### 1. La información biológica: medida y concepto

A lo largo del tiempo evolutivo el número de especies, en líneas generales, ha ido creciendo (ver Raup y Sepkosky, 1982). Han aparecido especies más complejas desde el punto de vista fisiológico y etológico. Las relaciones ecológicas progresan hacia una mayor integración del conjunto de los seres vivos. Es difícil negar un aumento paulatino de la complejidad y del nivel de adaptación de los seres vivos a su entorno. La teoría de la información ha sido utilizada para dar a esta intuición un contenido analítico preciso.

La complejidad de un determinado sistema depende del número y variedad de los elementos y de las relaciones que entre ellos se establezcan. Las medidas de la información, especialmente la de Shannon, han sido empleadas para cuantificar la *complejidad* de los sistemas vivos en diferentes niveles.

La complejidad de un sistema condiciona (es condición necesaria pero no suficiente) su capacidad de procesar o almacenar información. Aquí se entiende información como *funcionalidad*, adaptación. Se supone que un organismo más adaptado lo está porque posee más información *sobre* el entorno. Además, las teorías de la información colaboran aquí con la biología aportando conceptos, lenguaje y modelos explicativos.

Contextos IX/17-18, 1991 (pp. 197-214)

En ambos sentidos (como complejidad y como funcionalidad) el concepto de información se relaciona con los de orden y organización. Las relaciones entre el orden estructural y la organización funcional no están del todo claras. Wicken (1987; 1988) sostiene que no se da función sin estructura pero sí puede darse estructura sin función. Lo cierto es que la delimitación de estructuras suele hacerse por referencia a una función dada; dicho de otra forma, el orden es relativo, como afirma Denbigh (1985). Por otra parte en los seres vivos parece predominar la organización funcional al nivel de las macromoléculas. Las proteínas o el ADN no presentan estructuras ordenadas en el sentido en que pueda estarlo, por ejemplo, un cristal, pero sí organizadas *para* generar estructuras ordenadas. A niveles superiores al molecular, los sistemas vivos presentan marcadas simetrías tanto en el eje temporal (bioritmos) como en el espacial. Puede pensarse que la ordenación de los sistemas vivos en los niveles supramoleculares responde a necesidades funcionales; por tanto, puede hablarse también de organización.

El tema se cruza con el de las relaciones entre la entropía termodinámica y la informacional. Aunque ambas se ajusten a los mismos esquemas formales, no hay motivo para esperar que también se acomoden a la misma legalidad. En otras palabras, la entropía termodinámica no puede servir como medida del orden con carácter general.

La adopción de un punto de vista más abstracto puede ayudar a considerar el tema. Todos los fenómenos de orden y organización se ajustan al siguiente esquema: en primer lugar se define un espacio de posibilidad cuyos puntos aparecen probabilísticamente ponderados y a continuación se da un cambio en la distribución de las probabilidades, de modo que el espacio se hace más heterogéneo, los puntos que lo componen menos equiprobables e incluso alguno de ellos puede devenir inaccesible para los elementos del sistema. Los tipos de orden (incluyendo la organización funcional como uno de ellos) se distinguen por la naturaleza de las consideraciones tomadas en cuenta a la hora de elaborar las dos distribuciones probabilísticas mencionadas. El orden termodinámico se caracteriza por un espacio de posibilidad dado por los estados configuracionales y energéticos posibles en un sistema compuesto por moléculas; la distribución probabilística inicial se ajusta a consideraciones energéticas y la posterior evolución de dicha distribución se ajusta en general a las leyes

termodinámicas y en particular a la segunda. En el orden funcional (u organización) tenemos una distribución probabilística construida atendiendo únicamente a restricciones configuracionales de tipo físico-químico, por ejemplo entre las posibles estructuras alternativas de un enzima. Al introducir las restricciones de carácter funcional, el número de estados que conservan probabilidad positiva disminuye. Quizá exista algún tipo de relación entre las dos clases de orden mencionadas. Es, en todo caso, un problema abierto.

En un mismo ámbito e incluso para un mismo sistema, varios tipos de orden pueden ser definidos. Piénsese en un texto escrito, en un espacio de posibilidad definido por todas las combinaciones de letras del mismo alfabeto en que está formulado y de la misma longitud. Atendiendo a la pura combinatoria resulta una distribución de probabilidades, si consideramos las frecuencias reales de un idioma, la distribución es diferente. Si la función exigida se limita al ajuste a reglas gramaticales, la restricción operada sobre el espacio de probabilidad es menor que si exigimos funciones semánticas o incluso la transmisión de un significado concreto y más si pedimos que se ajuste a normas de versificación. Un mismo texto puede ser considerado como organizado en un aspecto y no en otro.

El nivel de orden de un sistema no es algo que pueda ser medido de una forma absoluta. Se estima por relación a determinadas estructuras o funciones. Además, desde un punto de vista formal no hay diferencias relevantes entre el orden estructural y el funcional. La distinción entre ambos ha de buscarse en otro nivel. Wicken (1987) distingue dos tipos de orden: el que se produce por restricciones (operadas sobre la distribución de probabilidades) expresables algorítmicamente, por un lado, y el que se produce por restricciones expresables probabilísticamente, por otro. Quizá exista cierta diferencia de naturaleza, pero no cabe duda de que una descripción algorítmica de un sistema puede ser sustituida por una distribución de probabilidades a base de unos y ceros y, en contrapartida, una descripción algorítmica de un sistema siempre es posible a costa de aumentar la longitud del algoritmo y en el límite hacerla igual a la de la descripción del sistema elemento por elemento.

Desde esta perspectiva podemos considerar la mayor parte de las *medidas* de la información utilizadas en la literatura evolucionista, como medidas de la complejidad estructural. Se justifica que, aún así, se denomine información a lo que se obtiene, por dos consideraciones: de un lado, la complejidad estructural es condición para la información funcional y en este sentido, a falta de una estimación más adecuada, puede tomarse como una aproximación, por exceso, a la cantidad de información. Por otra parte, el cumplimiento o realización de una estructura formal puede considerarse una función (recordemos la cuasi-identificación entre forma y fin en Aristóteles; Física, Lib. II, cap. 7, 198a) y en relación a ella la estimación de la información es correcta.

El *concepto* de información utilizado en el contexto de las teorías de la evolución se refiere, a diferencia de las *medidas* de la información, a la información funcional. Además, son varios los autores que juzgan deseable una medida de la información funcional o del contenido informacional, lo cual implicaría, además de instrumental matemático, un trabajo de investigación empírico sobre los niveles de sinonimia (Por ejemplo ¿Cuántas variantes de la hemoglobina son funcionales a un nivel satisfactorio? En relación a las variantes funcionales del *citocromo c*, puede verse Yockey, 1977).

## 2. Los soportes de la información biológica.

Otro problema que aparece de modo general en la literatura es el de la identificación del soporte efectivo de la información. La información biológica está contenida en el genoma de los organismos, también en las estructuras citoplasmáticas heredadas, pero ambos soportes requieren un entorno específico a varios niveles, desde el climático al social (en algunas especies) para funcionar y generar nuevos organismos. Así pues, la información relevante para el desarrollo de cada organismo y de la vida en general, se halla diseminada en el entorno físico y ecológico, en la estructura poblacional, en el genoma y en el citoplasma heredado.

En estrecha conexión con este tema hemos de referirnos a la diferencia entre la cantidad de información necesaria para especificar la estructura primaria de las proteínas y la que se requiere para hacer lo propio con la estructura tridimensional. Si la información contenida en el ADN puede ser

suficiente para lo primero, puede pensarse que no lo es para lo segundo y el "exceso" de información debe salir de algún sitio; quizá el genoma no sea el único soporte informacional. Esta línea argumentativa nos lleva al concepto de "fitness of environment" divulgado por Blum (1968). Los seres vivos están tan adaptados al entorno como a la inversa (independientemente del orden causal); más teniendo en cuenta que parte importante del entorno de cada sistema vivo son otros sistemas vivos. La especificidad requerida en las estructuras macromoleculares para que resulten funcionales se corresponde con la especificidad del entorno. El correcto desarrollo de una proteína hasta alcanzar la estructura tridimensional adecuada, depende de la secuencia codificada en el ADN y del entorno en que se sintetiza.

Todas las consideraciones que preceden implican dificultad en la estimación cuantitativa del contenido informacional de los sistemas vivos; sobre todo si se intenta una medida absoluta del mismo.

Veamos la situación desde otro ángulo: La funcionalidad de un sistema (o parte de un sistema vivo) depende de diversos factores. Por ejemplo, la estructura tridimensional de una proteína depende del ADN a partir del que se sintetiza, de la propia "maquinaria" celular que ejecuta la síntesis y de ciertos factores del entorno. Cualquiera de estos factores (o un grupo de ellos) puede ser tratado como mensaje en un análisis informacional. El resto de los factores, en bloque, serán tratados como un todo (contexto o ambiente) que presenta ciertas regularidades estadísticas. Con rigor habría que decir que el mensaje es una parte bien definida del Universo y el entorno es el resto.

La afirmación de la posibilidad, aunque sólo sea teórica, de medir la información absoluta requiere la introducción de supuestos metafísicos que podríamos denominar laplacianos, ya que equivale a la posibilidad de evaluar desde un punto de vista absoluto la probabilidad de ocurrencia de un evento (función o significado).

La elección de lo que es mensaje y lo que es ambiente o de lo que es texto y lo que es contexto, es convencional pero no totalmente arbitraria. Se tiende a identificar como mensaje un pequeño factor de gran especificidad en relación a una función dada y que presente una variabilidad potencial elevada. El ADN que codifica para una determinada proteína tiene estas características en relación a la función que se identifica con la síntesis

de la proteína referida. Y la proteína en relación a la función biológica que desempeña. En otras palabras, una leve modificación en el ADN puede bastar para dar al traste con la funcionalidad de una proteína. Es improbable que un efecto tal pueda seguirse de un cambio similar en un factor del entorno. Está claro que la información del ADN sobre la proteína depende de la especificidad del mismo, pero ello siempre referido a un determinado ambiente. Podríamos calcular la probabilidad de ocurrencia de determinado factor ambiental. Ello nos permitirá calcular la información que aporta y así sucesivamente. Como en principio el número de los factores que influyen en mayor o menor medida sobre un efecto cualquiera no tiene por qué ser limitado, el cálculo de la información sólo es practicable referido a un contexto o ambiente concreto. La información de un mensaje es, pues, relativa a un contexto o ambiente y a una función.

Utilicemos como ejemplo un fragmento de ADN que codifica para una determinada proteína: en este caso la distribución de probabilidades a priori de que tal proteína sea sintetizada, se refiere necesariamente a un contexto o ambiente dado. Lo normal es que sea un ambiente celular con presencia de fragmentos de ADN inespecíficos o aleatorios. La distribución a posteriori se realiza en referencia al mismo contexto más un elemento nuevo que es el mensaje específico. Obtenemos la información aportada por el mensaje acerca de la función (en este caso síntesis de una determinada proteína) a partir de la magnitud de la variación en la distribución probabilística. La matriz que conecta las probabilidades a priori de las diferentes alternativas consideradas con las respectivas probabilidades a posteriori de un mensaje dado entre un repertorio de mensajes alternativos, se puede denominar receptor. En el presente supuesto, el receptor es precisamente el ambiente (celular) en que se produce la síntesis.

Que la información aportada por el ADN es relativa no sólo a la proteína que consideremos, sino también al contexto o ambiente en el que se dé, lo muestra el hecho de que la probabilidad de ocurrencia de una proteína dada en ambiente prebiótico (ver Yockey, 1977; 1981) es mínima aún si estuviese presente el ADN específico. La razón es que la propia estructura celular contiene información sobre la proteína. Pero el proceso regresivo no tiene por qué detenerse aquí. Podemos suponer un ambiente prebiótico con componentes químicos más o menos elaborados, con o sin aminoácidos, por ejemplo. En el segundo caso la probabilidad de

que se forme la proteína aludida es menor que en el primero, porque el entorno químico posee una cierta información sobre la proteína. Podemos dar por fijado el margen de temperaturas dentro del que ocurre la síntesis o no, lo mismo por lo que hace a las características del flujo energético y así sucesivamente. La información absoluta necesaria para la síntesis de una proteína dada, estará en función de la probabilidad absoluta de ocurrencia de la misma. El cálculo de la misma no es posible en la práctica y para que lo fuese en teoría requeriría la suposición de estados mínimos absolutos e inanalizables en función de cuyas combinaciones pudiese ser calculada la probabilidad.

Por supuesto, un mismo fragmento de ADN puede contener información sobre más de una función y no necesariamente en la misma cantidad. Por ejemplo, se podría intentar el cálculo de la información contenida en un fragmento de ADN en relación al transporte de oxígeno; esta cantidad sería alta si tal fragmento generase (en el ambiente adecuado) una proteína capaz de realizar la función mencionada, lo cual es distinto que generar una proteína determinada. La diferencia estriba en que variantes de una proteína pueden realizar la misma función. Estos fenómenos de sinonimia han de ser tenidos en cuenta a la hora de realizar cálculos informacionales.

### **3. La información como causa y efecto del proceso evolutivo.**

En cuanto al *status* causal de la información biológica en el proceso evolutivo, podemos afirmar que el contenido informacional ejerce como registro de la experiencia del sistema. Es información acerca de las interacciones del sistema con el entorno y su resultado selectivo. En este sentido la información biológica es un efecto, un resultado, un registro. Pero en la medida en que es información funcional, no mera complejidad, asume también una misión causativa. Es decir, más información supone una mejora en las expectativas de captación de energía libre por parte del sistema informado y/o una mejora en el aprovechamiento de los recursos energéticos, medible en función de la disminución de la tasa de producción de entropía específica. Todo ello contribuye al aumento de la complejidad y organización del sistema. Así pues, el contenido informacional cumple una doble función en la dinámica evolutiva (como registro y causa); de ahí el interés de su estudio y teorización.

#### **4. Usos analógico y metafórico de las teorías y conceptos informacionales.**

Dentro de las coordenadas conceptuales marcadas hasta aquí, aún podemos distinguir, siguiendo la clasificación establecida por Stuart (1985), dos tipos de utilización de las nociones informacionales en la teoría evolutiva. Dichas nociones han sido aplicadas de modo analógico y metafórico. En el presente contexto hay que entender la analogía en los términos en que la define Bertalanffy (1976): Dos sistemas son análogos si pueden ser descritos por las mismas ecuaciones. Las ecuaciones informacionales utilizadas para describir sistemas biológicos provienen de la teoría de la información de Shannon o de la teoría de la información de Brillouin. Ambas, no obstante, tiene en común que son susceptibles de una doble interpretación estructural/ funcional o, en otros, términos sintáctica/semántica.

La teoría de la información de Shannon se mantiene, según deja claro Weaver, en el plano sintáctico, no atañe al significado de los símbolos ni al valor que éstos puedan tener para el receptor. Ante tal situación algunos autores han propuesto utilizar el término "complejidad" en lugar de "información" para referirse a la magnitud fundamental de la teoría shannoniana, ya que, en definitiva, la información ha de ser información sobre algo. Aún admitiendo el carácter semántico y relacional de la información, puede hablarse de la teoría de Shannon como una teoría de la información, pues la complejidad condiciona la información y es en algunos casos (y en biología casi siempre) una buena aproximación por exceso al contenido informacional. Además la entropía shannoniana puede considerarse como la información que un sistema ofrece acerca de sí mismo y por tanto límite superior de la información que puede ofrecerse acerca del sistema por otro cualquiera.

En la teoría de Brillouin (1962) se identifica información con entropía negativa y ésta, a su vez, puede ser vista como la información que el macroestado ofrece sobre el microestado. Todo ello nos interesa en este contexto para apoyar la afirmación de que las medidas de la información usadas en temas evolutivos pueden cumplir al menos dos funciones: medir la complejidad de los sistemas vivos y estimar el contenido informacional

de los mismos. En el segundo supuesto, las fórmulas de las teorías informacionales sirven para dar contenido cuantitativo aproximado a la noción de información que en biología, como en otros ámbitos, es de carácter relacional (funcional o semántico).

El uso *metafórico* de los conceptos informacionales se lleva a cabo por quienes piensan que la información es un componente esencial de la vida, aunque en algunos casos esta opinión vaya acompañada de la convicción de que ninguna de las dos teorías mencionadas (ni combinación razonable de ambas) refleja suficientemente la especificidad de lo biológico; que habría que diseñar una medida de la "información biológica" inexistente hasta el momento. Por ello, a falta de un aparato formal adecuado, el uso de los conceptos informacionales puede calificarse como metafórico. En este sentido, el seguimiento del empleo de nociones informacionales en biología, se hace poco menos que imposible debido a la ubicuidad de las mismas en la literatura evolucionista y en el resto de las ramas de la ciencia biológica, al menos desde el descubrimiento del *código genético*.

A título de ejemplo: "Es tan sabido que esta secuencia [ADN] sirve al propósito de *almacenar información* que no considero que deba extenderme sobre este hecho" (Elsasser, 1975, pg. 82. *Cursiva del autor*, cit. en Stuart, 1985, pg. 629). "El progreso evolutivo ha sido tratado, a menudo, en términos de adquisición de nueva información genética" (Waddington & Lewontin, 1968, en Waddington ed., 1968). En Dobzhansky (Dobzhansky et al., 1977, pgs. 262, 313) se utiliza sin dar especial explicación la expresión "information macromolecules" referida a "Los constituyentes moleculares básicos de todos los procesos de la vida". La idea, un tanto intuitiva, de que el fenotipo tiene más información que el genotipo se ha generalizado; de hecho ha sido usada para cuestionar la aplicación de la teoría de Shannon a cuestiones biológicas (Elsasser, 1983; Waddington, 1968). De modo que el rechazo frente a la aplicación de ciertas teorías informacionales no puede identificarse con una oposición al uso del modelo informacional en biología (sobre este tema ver Stuart, 1985).

## **5. Algunas formulaciones del concepto de información.**

### **5.1. Prigogine (1977).**

En Prigogine, se entiende que la información biológica es funcional y adaptativa, por tanto información sobre las interrelaciones entre los sistemas vivos y el entorno. La información se acumula a lo largo del proceso evolutivo; es más, esta acumulación informacional constituye la esencia misma de la evolución. Para Prigogine la evolución comienza con el aumento de la complejidad y organización en estructuras disipativas. El primer punto de inflexión importante se da cuando "en algún punto de este trayecto el sistema debió adquirir la capacidad de acumular información a partir de la experiencia pasada" (Prigogine and Nicolis, 1977, pg. 430).

La información se incorpora en los sistemas vivos, pero, a fin de almacenar información sobre la experiencia selectiva se requiere un aumento de la complejidad y de la organización. Esta complejidad y organización añadidas, pasan a formar parte del entorno de otros sistemas vivos, que, por lo tanto, viven en un mundo sobre el que se puede obtener más información. Se comprende esta doble función de los soportes de la información (como mensajes informacionales y como sistemas, o generadores de sistemas, acerca de los cuales se puede obtener transmitir o procesar información) si se atiende a lo establecido en la primera parte de este trabajo: la cantidad de información aportada por un mensaje sobre un sistema, se ve condicionada, entre otras cosas, por la propia estructura del sistema de referencia; sobre un sistema caótico o excesivamente simple poca información se puede transmitir.

En Prigogine la funcionalidad de un sistema vivo depende de su eficacia en la obtención y disipación de energía libre para mantenerse lejos del estado de equilibrio. La información biológica, además de ser un registro de los patrones de flujo termodinámico más eficaces, es causativa en la medida en que mejora la eficacia en la captación y/o procesamiento de la energía libre: "Probablemente se pueda poner en contacto con la idea darwinista de la sobrevivencia del más adaptado, dado que una baja tasa de disipación es probable que de a un organismo una ventaja selectiva" (Prigogine and Nicolis, 1977, pg. 434).

## 5.2. Gatlin (1972).

La idea clave de la medida de la información propuesta por Gatlin es la desviación con respecto a la distribución más aleatoria. Se piensa que, en principio, y a falta de fuerzas selectivas que actúen sobre la formación de los ácidos nucleicos y las proteínas, éstos deberían presentar una configuración máximamente aleatoria y que toda desviación de la misma responde a un sesgo selectivo.

Esta medida presenta varias dificultades. En primer lugar no permite distinguir entre las desviaciones producidas por efecto de la selección natural y las que derivan de condicionantes prebióticos. Existe una significativa correspondencia entre las secuencias de dipéptidos en las proteínas contemporáneas y las frecuencias de dimerización en ambiente abiótico, como muestran los datos aportados por Steinman (1971). Según señala Wicken, "las preferencias de enlace entre aminoácidos que deben haber influido fuertemente en la emergencia de la vida, han dejado trazos en las proteínas contemporáneas" (1987, pg. 48).

Está también el problema conceptual que supone el hecho de que, según las fórmulas de Gatlin, la información crece en función del crecimiento de la redundancia, lo cual, en última instancia conduce al absurdo de que la máxima información se da cuando la redundancia es máxima. Gatlin retiene el sentido funcional de la información a costa de restringir la funcionalidad biológica a la mera función de producción de copias. Para dicha función, el aumento de la redundancia resulta beneficioso, pero si esta tendencia evolutiva fuese única, los seres vivos no habrían crecido en complejidad de modo importante. Hay que reconocer que el límite impuesto sobre el aumento de la redundancia tiene sus raíces en la necesidad de realizar de modo competitivamente exitoso una serie de funciones vitales no estrictamente reproductivas. La información acumulada en las macromoléculas para la realización de estas funciones, cae fuera del alcance de la medida propuesta por Gatlin.

Dadas las características mencionadas, no puede extrañar que una de las aportaciones más relevantes de la obra de Gatlin sea el concepto de selección shannoniana: debe darse una selección entre secuencias alternativas de ADN aunque éstas codifiquen para diferentes proteínas equivalentes en cuanto a su valor funcional o incluso aunque éstas sean

sinónimas en cuanto a la proteína para la que codifican. Estas secuencias, en principio, estarían sometidas únicamente a leyes de deriva genética. Pero este nivel selectivo discrimina en función de las características informacionales del mensaje, es decir, favorece a aquellas secuencias que puedan ser transmitidas con mayor fidelidad. Se observa que en relación a la función considerada en este caso (fiabilidad reproductiva) la redundancia constituye una ventaja. La medida de Gatlin sólo evalúa la información funcional en relación a la fidelidad reproductiva. La adquisición progresiva de información durante el tiempo evolutivo supone el aumento de la redundancia en la medida en que interesa asegurar la fiel transmisión de información, pero implica también que este aumento no puede ser ilimitado. De modo que, en general, no se puede identificar información biológica con redundancia.

La medida de la información de Gatlin, se refiere a sistemas vivos particulares, no a la biosfera en general y lo mismo puede decirse del resto de las medidas informacionales que hemos revisado. No obstante, a veces se usan como índice general del nivel de complejidad y organización ganado durante la evolución. Se está suponiendo que los sistemas vivos complejos son un indicativo de un entorno complejo. Hay, a mi modo de ver, una línea argumentativa que podría fundamentar este supuesto: podemos conjeturar que la complejidad estructural del ADN de una determinada especie no es sólo un índice de la complejidad alcanzada en esa línea evolutiva concreta; es además un indicativo de la complejidad de la biosfera en su conjunto (o al menos del entorno vivo con que se relacionan los individuos de dicha especie), porque para estar adaptado en un ambiente complejo se requiere más información que para estarlo en uno más simple.

Esta idea amortigua la crítica dirigida contra el paradigma neodarwinista por Bertalanffy y otros, en el sentido de que una mayor adaptación no tiene por qué requerir más complejidad, que cada organismo se encuentra adaptado a su nivel. Lo cierto es que una vez instalado un organismo en el entorno, cualquiera posterior, estará mejor adaptado al mismo si posee o está capacitado para adquirir información sobre el primero (resultando una acción integrada o la extinción del primero, que no posee información sobre el nuevo escenario creado). Esta asimetría informacional genera simultáneamente una complejización del entorno y de los organismos para

permanecer adaptados (Margalef, 1986, sugiere la asimetría trófica como motor del desarrollo del sistema nervioso y de la información que en él se halla). No carece de sentido, por tanto, evaluar la complejidad de la biosfera por la de los organismos más complejos producidos por la evolución, los que más información pueden acumular sobre el entorno. Hay que matizar que la existencia de sistemas superiores adaptados a un ambiente en el que existen otros inferiores, lejos de amenazar en todos los casos la existencia de estos últimos, muchas veces tiende a garantizarla, pues el entorno al que están adaptados los organismos superiores es, a un tiempo, aquél del que dependen<sup>1</sup>.

### 5.3. Brooks y Wiley (1986).

La medida de la información propuesta por Brooks y Wiley hereda los defectos de la de Gatlin. La diferencia entre la entropía informacional máxima y la real de un sistema, crece a medida que lo hace la redundancia; ello conduce a la tesis un tanto forzada de que el máximo de información se da junto con la máxima redundancia.

El concepto de información que subyace a la teoría de Brooks y Wiley es, no obstante diferente al de Gatlin: en Gatlin la divergencia de la máxima equiprobabilidad o de la máxima independencia, se produce gracias al efecto de la selección natural y de lo que ella denomina selección shannoniana, lo cual garantiza que la organización presente en las macromoléculas responde, al menos en cierta medida, a necesidades funcionales (asunto aparte es que su medida de la información presente las limitaciones mencionadas en la captación de la funcionalidad). En Brooks y Wiley, la divergencia se produce como consecuencia "axiomática" del desarrollo de los sistemas vivos conforme a la segunda ley de la termodinámica. Este proceso de génesis de la información no garantiza que sea información funcional, información adaptativa. El concepto de información de Brooks y Wiley se sitúa prioritariamente en el plano sintáctico, se refiere sobre todo a la complejidad estructural. No en vano

---

<sup>1</sup> La aceptación de esta idea por parte del hombre no es ajena al relativo aumento de la sensibilidad ecológica en nuestra sociedad.

Brooks y Wiley caracterizan su punto de vista como un estructuralismo histórico.

O'Grady y Brooks (1988, pgs. 289 y ss.) distinguen entre procesos teleomáticos (todo proceso físico en el sentido de que tiene final o acabamiento, produce un resultado), teleonómicos (procesos controlados dirigidos a un fin, por ejemplo la ontogénesis) y teleológicos (procesos dirigidos a una finalidad conscientemente representada y elegida, por ejemplo parte de la actividad humana). Los dos últimos tipos tienen en común que poseen representaciones del fin a alcanzar.

En los seres vivos, esta representación del estado final al que se dirige la ontogénesis, se estima que se encuentra, al menos en parte, en el genoma. La información contenida en el genoma es semántica, funcional, sólo en la medida en que es una representación de la forma final del organismo y un algoritmo suficiente para la construcción del mismo en determinadas condiciones ambientales. No es información sobre el entorno, no es información adaptativa, ya que, a diferencia de la ontogénesis, la evolución es considerada por los autores mencionados como un proceso teleomático, un mero resultado. Claro está que no existe una representación previa de los estados evolutivos, pero la selección natural garantiza un resultado general, que es el aumento de la adaptación de los seres vivos a su entorno, y por tanto el aumento de la información que éstos poseen o pueden conseguir, no sólo sobre su propio desarrollo ontogenético sino también sobre el ambiente en que viven. Una evolución sin selección como la postulada por Brooks y Wiley no justifica el establecimiento de nexos representativos entre sistemas vivos y entorno. Con ello no se cuestiona la evidente funcionalidad de los sistemas vivos; se pone en duda la generalidad que le atribuyen algunos autores y se niega el poder causativo de la misma en relación a la evolución.

#### **5.4. Wicken (1987).**

En J. Wicken es donde aparece con más claridad la diferencia entre el concepto de información y las medidas de la información de que disponemos; medidas que son, en su opinión, insuficientes para expresar cuantitativamente dicho concepto con todas sus implicaciones. El contenido informacional, la información, se caracteriza por ser información sobre

algo, tiene carácter semántico, funcional, relacional. Va más allá de la estructura del mensaje o del sistema de símbolos a que éste pertenece. Las medidas de la información de que disponemos no captan este rasgo del concepto de información: La de Gatlin hace crecer la información en función de la redundancia y, por tanto, sólo capta, como hemos visto, un tipo de funcionalidad. La de Shannon se refiere exclusivamente, como asegura Weaver, al nivel sintáctico de los lenguajes. Ambas son aplicables a secuencias unidimensionales de tipo cuasi-lingüístico. Que las cadenas de ADN sean de este tipo ya es, para Wicken, problemático, pero además la información se halla, según él, dispersa en las estructuras de los sistemas biológicos. Por otra parte la medida de la información propuesta por Brillouin refleja la cantidad de información que el macroestado en que se halla un sistema aporta sobre el microestado del mismo, no hace relación a ninguna otra realidad exterior al sistema considerado.

Aún así, Wicken utiliza la neguentropía como medida de la información porque estima que es un buen instrumento heurístico. Al menos las teorías de la información sirven para evaluar uno de los factores que condicionan la información, a saber, la complejidad estructural. Según Wicken los sistemas vivos aumentan su complejidad a lo largo del tiempo evolutivo debido a factores internos (como suponen Brooks y Wiley), pero su contenido informacional crece, al menos en parte, en función de factores externos (selección natural) (ver Wicken, 1987, pgs. 178-9). Las teorías de la información tienen también valor por aportar un lenguaje útil para tratar con ciertos fenómenos biológicos (es lo que Stuart denomina el uso metafórico de la noción de información en biología).

En Wicken, la información biológica es información funcional sobre el sistema y el entorno, seleccionada a partir de las interacciones que se han dado entre ambos en el pasado. La información sobre el pasado es también útil para futuras interacciones entre sistema y entorno en la medida en los cambios relevantes en el entorno se producen más lentamente que los cambios en los soportes de la información de los sistemas vivos.

Por lo que hace al puesto de la información en la estructura causal de la teoría sintética de Wicken, podemos afirmar que es entendida como efecto o resultado de la disipación de energía libre y como causa del man-

tenimiento de ciertas estructuras lejos de equilibrio y por tanto, posibilitadora de nuevas vías evolutivas.

## 6. Conclusión.

En general, salvando el caso de Brooks y Wiley, el *concepto* de información que se baraja en Biología y en especial en la teoría de la evolución está en la línea de la información funcional o semántica, caracterizada por Wright como aquella que "tiene forma, puede ayudar a crear y mantener la forma y lo hace mediante la representación de estados del entorno y la introducción del comportamiento adecuado a los mismos" (1988, pg. 108). Se entiende que la variación genética aumenta la capacidad informativa mientras que la selección determina qué variaciones son realmente informativas (funcionales o significativas) y cuáles son mero ruido. Por supuesto, y en acuerdo con el carácter semántico del concepto de información, no se puede determinar si una variación genética es información significativa o ruido, tomada ésta aisladamente y sin relación a una función dada (ver Collier, 1988, pg. 234; Mayr, 1982, pgs. 67-69). En contrapartida, las *medidas* de la información utilizadas, normalmente se interpretan como medidas de la complejidad estructural (o como estimaciones por exceso del contenido informacional), o bien medidas de la información como forma<sup>2</sup>. En definitiva, son varios los autores que expresan la necesidad de contar con una medida de la información que supere estas limitaciones y que pueda hacer justicia al concepto de información con el que trabajan, una medida de lo que se ha dado en llamar, para distinguirlo de la información como forma, el contenido informacional.

Departamento de Filosofía  
Universidad de Valladolid

---

<sup>2</sup> Incluso estas medidas admiten una interpretación semántica. Este es uno de los motivos por los cuales puede hablarse, efectivamente, de medidas de la información.

## Bibliografía

- ARISTOTELES : *Física*. En *Obras*, Aguilar, Madrid.
- BERTALANFFY, L. (1976): *Teoría general de los sistemas*. F.C.E., México.  
Título original: *General systems theory: foundations, development, applications*.  
George Brazilller, (1968), N.Y.
- BLUM, H. (1968): *Time's Arrow and Evolution*. Princeton Univ. Press,  
Princeton. BRILLOUIN, L. (1962): *Science and information theory*. Academic  
Press, London.
- BROOKS, D. and WILEY, E. (1986): *Evolution as Entropy*. Univ. of Chicago  
Press, Chicago.
- COLLIER, J. (1988): "The Dynamic of Biological Order". In *Entropy, Information  
and Evolution*,. Weber, Depew and Smith ed. MIT. Press, Massachusetts.
- DENBIGH, K. and DENBIGH, J. (1985): *Entropy in relation to incomplete  
knowledge*. Cambridge Univ. Press, Cambridge.
- DOBZHANSKY, AYALA, STEBBINS and VALENTINE (1977): *Evolution*.  
Freeman and Company, S. Francisco.
- ELSASSER, W.M. (1983): "Biological Application of statistical Concepts Used in  
the Second Law". *J. Theor. Biol.*, 105: 103-116.
- GATLIN, L. (1972): *Information theory and the living systems*. Columbia  
University Press, N.Y.
- MARGALEF, R. (1986): "Variaciones sobre el tema de la selección natural.  
Exploración, selección y decisión en sistemas complejos de baja energía". En  
*Proceso al Azar*, Edición de J. Wagensberg, Tusquets Editores, Barcelona.
- MAYR, E. (1982): *The Growth of Biological Thought*, Harvard Univ. Press,  
Cambridge.
- O'GRADY, R. and BROOKS, D. (1988): "Teleology and Biology". In *Entropy,  
Information and Evolution*. Weber, Depew and Smith ed. MIT. Press,  
Massachusetts.
- PRIGOGINE, I. and NICOLIS, G. (1977): *Self-organization in nonequilibrium  
systems*. John Wiley & Sons, N.Y.
- RAUP, D. and J. SEPKOSKI, (1982): "Mass extinctions in the marine fossil  
record". *Science*, 215: 1501-1503.

- STEINMAN,G. (1971): "Non-enzymic Synthesis of Biologically Pertinent Peptides". In *Prebiotic and Biochemical Evolution*, pp. 31-38, ed. A.Kimball and J.Oro, N.Y.
- STUART,C. (1985): "Bio-informational Equivalence". *J.Theor.Biol.*, 113: 611-636.
- WADDINGTON,C., ed. (1968),(1976): *Towards a Theoretical Biology*. Eddinburgh Univ. Press, Eddinburgh. Edición española : *Hacia una biología teórica*, (1976), Alianza Editorial, Madrid.
- WICKEN,J. (1987): *Evolution, Information and Thermodynamics: Extending the Darwinian Program*. Oxford Univ. Press, Oxford.
- WICKEN,J. (1988): "Thermodynamics, Evolution and Emergence: Ingredients for a new synthesis". In *Entropy, Information and Evolution*, Weber, Depew and Smith Ed. MIT. Press, Massachusets.
- WRIGHT,R. (1988): *Three Scientists and their Gods*, Times Books. N.Y.
- YOCKEY,H. (1977): "A Calculation of the Probability of spontaneous Biogenesis by Information Theory". *J. Theor. Biol.*, 67: 377-398.
- YOCKEY,H. (1981): "Self-organization Origin of Life Scenarios and Information Theory." *J.Theor. Biol.*, 91: 13-31.