

Hypercomputación biológica y comunicación entre los seres vivos¹

Hipercomputação biológica e comunicação entre os seres vivos

Biological hypercomputation and communication between living beings

207

Recebido em 24-01-2016

Aceito para publicação em 14-04-2016

Carlos Eduardo Maldonado²

Resumen: El concepto de hypercomputación (HB) ha sido introducido (Stepney, 2009; Maldonado, Gómez, 2015) como una forma de comprender cómo los sistemas vivos procesan información. Este artículo presenta los desarrollos de la HB pero sostiene la idea que, a partir de la misma, los seres vivos se comunican en forma de estructuras, y no en el modo de signos y símbolos. La química en general y la topología química en particular ofrecen fundamentos para entender esta idea. Lo que está en juego es una comprensión acerca de la lógica de la vida.

Palabras clave: Ciencias de la complejidad; computación; lógica de la vida; origen de la vida; topología química.

¹ Agradecimientos: El trabajo sobre (HB) ha ido de la mano con mi amigo y colega Nelson Gómez-Cruz. Agradezco a Nelson nuestras permanentes conversaciones y debates, siempre fructíferas y cálidas. Asimismo, agradezco a dos evaluadores anónimos las sugerencias y comentarios. Han contribuido a enriquecer este artículo. Finalmente, este texto fue presentado, pero no publicado en la Academia de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales (Bogotá, Colombia) a finales del año 2015 con ocasión de un homenaje a José Luis Villaveces. Agradezco a los participantes de ese evento, a Enrique Forero y a Luis Carlos Arboleda el diálogo y la discusión provocados.

² Doctor en Filosofía por la Katholieke Universiteit Leuven, Lovaina, Bélgica. Postdoctorados por el Departamento de Filosofía, University of Pittsburgh, Estados Unidos, un semestre, 1996; Council for Research in Values and Philosophy y Center for the Study of Culture and Values de la Catholic University of America, un semestre, 2006; Facultad de Filosofía, University of Cambridge, Inglaterra, un semestre, 2008. Profesor Titular en la Facultad de Ciencia Política y Gobierno, Universidad del Rosario. Bogotá, Colombia. Correo electrónico: carlos.maldonado@urosario.edu.co

Resumo: O conceito de hipercomputação (HB) foi introduzido (Stepney, 2009; Maldonado Gomez, 2015) como uma forma de entender como os sistemas vivos processam informação. Este artigo apresenta o desenvolvimento do HB, mas apoia a ideia de que, a partir dele, os seres vivos se comunicam em forma de estruturas, e não na forma de sinais e símbolos. A química em geral e a topologia química em particular oferecem fundamentos para entender esta ideia. O que está em jogo é uma compreensão da lógica da vida.

Palavras-chave: Ciências da complexidade; computação; lógica da vida; origem da vida; topologia química.

Abstract: The concept of biological hypercomputation (BH) has been introduced (Stepney, 2009; Maldonado, Gómez, 2015) as a way to understand how living systems process information. This paper presents the developments of BH but it claims that, accordingly, the living beings communicate via structures rather in the form of signs and symbols. Chemistry in general, and chemical topology in particular set out the ground to understanding this idea. What is at stake is the understanding of the logics of life.

Key Words: Sciences of complexity; computation; the logics of life; the origins of life; chemical topology.

1. Introducción

Dos de los problemas fundamentales en ciencia, estrechamente vinculados entre sí, son:

- i) La explicación sobre el origen de la vida. Llamaré a este problema P I;
- ii) La explicación acerca de la lógica de la vida, esto es, de los sistemas vivos. Denomino a este problema P II.

De lejos, el segundo problema es el más avanzado. La teoría de la evolución desempeña, ampliamente, un papel destacado al respecto, ya sea en su variante darwinista y neodarwinista, o bien en su vertiente lamarckiana. Numerosas otras aristas han sido elaboradas que permiten desarrollar cada una de ellas o bien integrarlas de nuevas maneras. Entre estos esfuerzos cabe mencionar el enfoque Evo-Devo (Carroll, 2006), tanto como a la biología sintética.

Recientemente, la teoría de la endosimbiosis tiene el mérito de integrar la paleontología, la teoría de la evolución y la microbiología (Margulis, 2003). Indudablemente que la teoría de la evolución constituye el gran basamento sobre el pueden erigirse miradas sólidas a la comprensión de lo que hacen los sistemas vivos para vivir.

Sin la menor duda, la teoría de la evolución logra explicar ampliamente la lógica de la vida; esto es, qué hacen los sistemas vivos para vivir. Formulada originariamente en 1859 por Darwin en su *Teoría de la evolución por medio de la selección natural*, la teoría de la evolución aporta los elementos más distintivos que permiten entender suficientemente lo que hace que los sistemas vivos sean tales. Sin embargo, como señaló el propio Darwin al final de la Introducción a su obra de 1859, la teoría de la evolución es esencialmente incompleta:

Although much remains obscure, and will long remain obscure, I can entertain no doubt, after the most deliberate study and dispassionate judgement of which I am capable, that the view which most naturalists entertain, and which I formerly entertained – namely, that each species are not immutable; but that those belonging to what are called the same genera are lineal descendants of some other and generally extinct species, in the same manner as the acknowledged varieties of any one species are the descendants of that species. Furthermore, I am convinced that Natural Selection has been the main but not exclusive means of modification (DARWIN, 1995, p. 6).

La razón de base de la incompletud de la teoría de la evolución radica justamente en el carácter evolutivo de las entidades de las cuales se ocupan: los organismos y las especies – en medio de paisajes rugosos adaptativos (un concepto fundamental introducido igualmente por Darwin).

Otras teorías han venido a complementar, si cabe, a la teoría de la evolución. Las más destacadas son: la deriva genética, la fijación aleatoria de genes, la selección indirecta que implica el vínculo entre genes dentro de un solo y mismo cromosoma, el crecimiento diferencial de órganos, criterios estadísticos, en fin, la autoorganización. La bibliografía en general sobre estos rasgos y en particular sobre cada uno de ellos es amplia y robusta (Bedau and Cleland, 2010).

Con este texto quisiera hacer explícita una tesis y una metodología. Conjeturo que la relación entre los dos problemas fundamentales arriba enunciados puede articularse de la siguiente manera:

CONJETURA. Si se logra resolver suficientemente el problema dos –P II- entonces, por esa misma vía será posible resolver el problema uno –P I-. La hypercomputación biológica (HB) permite avanzar en la dirección de esta conjetura.

Este texto tiene un carácter exploratorio³ y pretende mostrar la razonabilidad de la conjetura enunciada.

Ahora bien, en cuanto al problema P I, existe una gama de propuestas, teorías y conjeturas, sólidas y plausibles, todas ellas centradas en torno al papel crucial de la bioquímica. Una visión general de las mismas permite entender que éstas son: la sopa primordial (Oparin), incluida la chispa eléctrica, la comunidad de arcilla (enunciada por Cairns-Smith), los respiraderos submarinos hidrotérmicos, el origen frío (*chilly start*), el mundo (basado en) del RNA, los

³ Conjuntamente con un colega y amigo hemos trabajado en la dirección del problema, de suerte que es posible señalar algunos antecedentes en la exploración misma que aquí presentamos: trabajos en torno al P II. Al respecto, véase:

(2015a) Maldonado, C. E., “A Step toward Understanding Information Processing in Plants. Explaining the Complexity of Life Thanks to Plants’ Physiology”, en: *Cell and Developmental Biology*, Vol. 4, No.2, págs. 156-159; doi: <http://dx.doi.org/10.4172/2168-9296.1000156>.

(2015b) Maldonado, C. E., “Excurs asupra Complexitatii”, en: *Tibiscus. Revista Trimestrială editată de Universitatea “Tibiscus” din Timisoara.*, No. 2 (83), Año 17, Junio, pp. 10-13.

(2015f) Maldonado, C. E., Gómez-Cruz, N., “Biological Hypercomputation: A New Research Problem in Complexity Theory”, en: *Complexity*, Vol. 20, Issue 4, págs. 8-18.

(2014a) Maldonado, C.E. & Gómez-Cruz, N.A. (2014). “Synchronicity Among Biological and Computational Levels of an Organism: Quantum Biology and Complexity”. *Procedia Computer Science* 36, 177-184. DOI: 10.1016/j.procs.2014.09.076.

(2014g) Maldonado, C. E., “Cómo puede ser la biología la nueva base de la ciencia”, en: *Crítica.cl. Revista latinoamericana de ensayo*, (Septiembre), Año 18; disponible en: <http://critica.cl/reflexion/¿como-puede-ser-la-biologia-la-nueva-base-de-la-ciencia>.

(2012f) Maldonado, C. E., Gómez-Cruz, N., “The Complexification of Engineering”, en: *Complexity*, Vol. 17, Issue 4 (March-April), pp. 8-15; <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/cplx.v17.4/issuetoc>.

(2013c) Maldonado, C. E., “Un problema fundamental en la investigación: los problemas P vs NP”, en: *Revista Logos Ciencia & Tecnología*, Vol. 4, No. 2, Enero-Junio, págs. 10-20.

(2011a) Maldonado, C. E., Gómez-Cruz, N., “Facing NP Problems via Artificial Life: A Philosophical Appraisal”, en: Kampis, G., Karsai, I., and Szathmáry, E., (Eds.), *ECAL 2009, Part II, LNCS 5778*, págs. 216-221, Berlin: Springer Verlag.

primeros modelos originariamente metabólicos, en fin, la panspermia. También en este otro plano la bibliografía es amplia y robusta. El propósito de este texto no es el de evaluar o tomar una posición con respecto a cada una de las teorías mencionadas acerca del origen de la vida. Mi interés se orienta en otra dirección.

Cabe poner de relieve un reconocimiento evidente: el conjunto de teorías en torno a P I, son de origen físico, químico y bioquímico. Es aquí cuando cabe explicitar la heurística adoptada en este texto, así:

ENFOQUE METODOLÓGICO. Es posible una teoría del origen de la vida de carácter computacional, centrada específicamente en el estudio del procesamiento de la información por parte de los sistemas vivos, que permita comprender mejor el problema P II. Pues bien, la hypercomputación biológica (HB) conduce directamente a una teoría computacional semejante.

Como se aprecia, la conjetura y la heurística propuesta se encuentran en estrecha relación entre sí. Tal es, al mismo tiempo, el alcance y las limitaciones de este estudio. Los pasos o las articulaciones del texto consisten en tres argumentos: en primer lugar, presento el concepto mismo de hypercomputación biológica (HB), sus antecedentes e implicaciones. A ello se orienta el primer párrafo. Seguidamente, señalo algunos elementos o ejes de orden al mismo tiempo filosóficos y científicos en torno a la comprensión de los sistemas vivos. En este segundo párrafo hago explícito que el marco general de mis consideraciones aquí es la teoría de la complejidad o, más adecuadamente, las ciencias de la complejidad. Finalmente, el tercer argumento sostiene que la (HB) se encuentra en la base de la comunicación entre los sistemas vivos y aporto algunas justificaciones a respecto. Al final extraigo algunas conclusiones.

2. La hypercomputación biológica

Los sistemas vivos no son máquinas, en ningún sentido. Ciertamente son sistemas físicos, pero no se reducen, en manera alguna, a la física; y manifiestamente no a la física clásica. Pues bien, computacionalmente, la comprensión que le corresponde a los sistemas físicos (clásicos) es la máquina de Turing (MT) y la tesis (fuerte) Church-Turing (tCh-T) (Goldin y Wegner, 2008). Ahora, desde luego que existen varios tipos de máquinas de Turing (MT) –tales, entre otros, como la MT-o (máquina de Turing oráculo), la MTu (máquina de Turing incierta), la MH-TM (Máquinas de Turing de múltiples cabezas, la MT-TN (máquinas de Turing de múltiples programas (*tapes*), y varias otras- (Eberbach, Goldin, Wegner, 2004). Esto es, en la comprensión clásica de los sistemas vivos como máquinas los sistemas vivos, y lo que sucede en últimas en ellos, son asumidos como una caja negra: conocemos el input, sabemos del output, pero o bien desconocemos o bien damos por sentado el proceso que ocurre entre el input y el output (Wegner, Eberbach, Burgin, 2012). Más exactamente, en el modelo clásico de computación se asume, a partir de la arquitectura de Von Neumann, que existe una CPU (unidad central de procesamiento), que es donde se lleva a cabo el procesamiento de la información. La expresión cultural y científica de la CPU es el encefalocentrismo, y la creencia de que el cerebro es la unidad determinante de los sistemas vivos; algo, se asume, particularmente cierto en el caso de los mamíferos.

Ahora bien, una MT es un proceso computacional algorítmico. Esto es, supuesto un determinado problema, se plantean entonces ciertas reglas, fórmulas o procedimientos para resolver el problema en cuestión⁴. Sin embargo, los sistemas vivos no son algorítmicos (Syropoulos, 2008), y lo que habitualmente se considera como “inteligencia” consiste simplemente en inteligencia o complejidad algorítmica. Más exactamente, en la medida en que un sistema vivo es algorítmico, está reducido a ser un simple objeto físico (clásico), susceptible

⁴ Culturalmente hablando, en el caso de los seres humanos, estos algoritmos consisten exactamente en mecanismos o dispositivos (Foucault) tales como: la religión, la educación, el derecho, la educación y en general todos los sistemas y mecanismos *normativos*. Clásicamente hablando, se trata de la reducción del *logos* al *nomos*, o lo que es aún peor, en la identificación entre el *logos* y el *nomos*.

de ser explicado, por ejemplo, en términos de acción-reacción (mecánica clásica o física newtoniana, incluida, posteriormente la mecánica estadística) (Ball, 2004).

La hypercomputación biológica (HB) consiste en la explicación de los procesos computacionales en los sistemas biológicos, desde los genes a las bacterias, desde la célula hasta la biosfera que permite comprender lo que los sistemas vivos hacen para ser tales (Mitchell, 2012). En este sentido, la (HB) abarca tanto la esfera del desarrollo como de la evolución de los sistemas vivos (Ignatova *et. al.*, 2008). De manera puntual, la (HB) se ocupa del estudio acerca de *cómo los sistemas vivos procesan información*.

Sobre la base de la literatura especializada sobre el tema, cabe distinguir dos clases de hypercomputación: clásica y no-clásica. Así, de un lado, se trata de computar números y funciones, mientras que de otro lado, adicional y principalmente, se trata de encontrar nuevas formas de resolver problemas y computar cosas (Calude y Paun, 2001). Así las cosas, la hypercomputación clásica busca trascender las limitaciones de la MT clásica, notablemente buscando recursos en la teoría cuántica y en la teoría de la relatividad (Davies y Gregersen, 2010). Esta aproximación busca comprender y llevar a cabo super-tareas, así por ejemplo llevar a cabo un número infinito de operaciones en un tiempo finito, lo cual, presumiblemente, permitiría superar el problema de la detención enunciado originariamente por Hilbert. Como quiera que sea, la hypercomputación clásica permanece inscrita en los márgenes de una MT (Copeland, 2002).

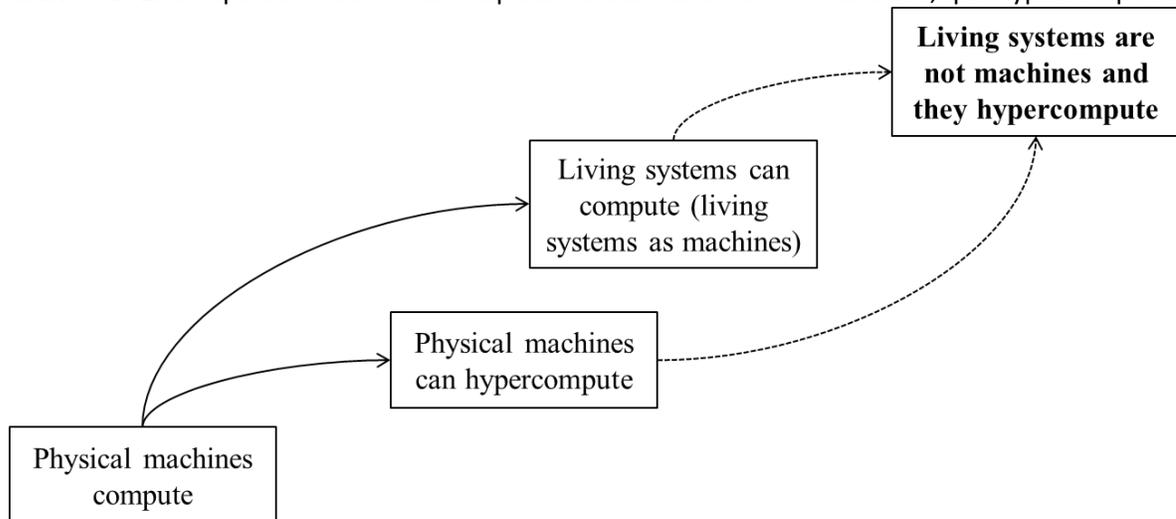
Por el contrario, la hypercomputación biológica no-clásica busca superar los límites de lo que habitualmente se ha comprendido por “computar”, lo cual ha conducido a áreas y problemas tales como la computación interactiva, el uso del paralelismo como forma de encontrar una respuesta a un problema real, en fin, el carácter corporal (*embodiment*) de la propia computación (Stepney, 2009). El tiempo permanece como un reto formidable, tanto más cuanto que la MT no sabe para nada de tiempo.

Entre los campos que han conducido al desarrollo de la (HB) cabe destacar la computación natural, la inteligencia artificial, la biología de sistemas, la biología sintética, los paradigmas no-clásicos de las ciencias de la computación y las ciencias de la complejidad (Stannett, 2006). Es importante distinguir, de un lado, la hypercomputación biológica, y de otra parte, la biología computacional, la computación bioinspirada, el modelamiento, la síntesis computacional de procesos biológicos, o el uso de materiales biológicos para fines computacionales (MacLennan, 2009).

De manera puntual, de acuerdo con Stepney, la (HB) se interroga acerca de cómo y por qué los sistemas vivos puede ser vistos como fundamentalmente computacionales en la naturaleza. Dos antecedentes claros y precisos deben ser señalados en el concepto de (HB), a saber: los trabajos de M. Mitchell, y de S. Stepney, ya referidos. Sin embargo, ninguna de ellas desarrolla ni profundiza el concepto.

El gráfico N° 1 ilustra el tránsito de la comprensión de la computación desde las máquinas físicas hasta los sistemas vivos en la perspectiva de la hypercomputación:

Gráfico N° 1: Computación desde las máquinas físicas hasta los sistemas vivos, que hypercomputan



Fuente: Maldonado y Gómez (2015).

Pues bien, es posible introducir primero por vía descriptiva lo que es, lo que hace y lo que hace el concepto de (HB). Posteriormente ampliaré conceptualmente el significado y el alcance de estas descripciones. En verdad, los sistemas de reparación metabólicos constituyen el mejor ejemplo de que los sistemas vivos no son máquinas en ningún sentido y no pueden ser simulables o computables en términos de una MT o de la tCh-T. Asimismo, las redes y sistemas que hacen que los sistemas vivos sean sistemas de complejidad creciente no pueden ser tampoco explicados con base en la MT. De la misma manera, en las bacterias, el hardware varía en la misma medida en que la información se acumula y se procesa. En verdad, las bacterias pueden intercambiar información entre sí en la forma de hardware, por ejemplo como material genérico (Ben-Jacob, 2009). El propio sistema inmunológico constituye un caso conspicuo de (HB). Todo lo anterior constituyen ejemplos manifiestos de (HB) interactiva (Goldin *et. al.*, 2006) y emergente.

Lo que significa lo anterior es el reconocimiento explícito de que, a diferencia de una MT, los sistemas vivos no procesan información secuencialmente, en una sola escala, y en dependencia de un operador externo. Mejor aún, los sistemas vivos son capaces de sintetizar nueva información no-trivial, cuando se trata de resolver problemas relevantes (Ehrenfeucht *et al.*, 2012). Más exactamente, los sistemas vivos no poseen toda la información que necesitan para vivir, y es por esta razón que sintetizan información. En otras palabras, la computación de los sistemas vivos es emergente y autoorganizada. En resumen, los sistemas vivos no solamente escanean el entorno y leen el medioambiente permanentemente, sino además y fundamentalmente, producen nueva información y la introducen en el entorno. Los sistemas vivos son permanentes generadores de nueva información en el medioambiente. En esto exactamente consiste la sintetización (de nueva información).

En verdad, los sistemas vivos son esencialmente abiertos e incompletos. Es por esto que deben permanentemente abrirse y buscar en el entorno materia, energía e información que los haga posibles – con todo y el riesgo de que en ocasiones pueda suceder lo contrario. Pues bien, el medioambiente es intrínsecamente no-algorítmico y no-computacional. En otras palabras, el

medioambiente es un concepto esencialmente indeterminado. El azar desempeña un papel activo, y no puede ser descartado en manera alguna (Kari y Rozenberg, 2008).

En otras palabras, una MT es tan sólo un caso particular de un fenómeno mucho más general que es la (HB). Dicho en términos más explícitos, los algoritmos son tan sólo un caso particular de razonamientos y procesamientos que incluyen además (¡y fundamentalmente!) incertidumbre, aprendizaje, adaptación, interacción y sorpresa, y creatividad. En la naturaleza, los sistemas vivos procesan mucho más que números y funciones, lo cual significa exactamente que los sistemas vivos crean mundo y naturaleza⁵.

Como se aprecia fácilmente, la finalidad de la (HB) consiste en comprender cómo procesan información los sistemas vivos, antes que elaborar modelos computacionales e idealizaciones sobre los sistemas vivos. Dicho de manera franca y directa: los sistemas vivos carecen de cualquier solución algorítmica. Los sistemas vivos se hacen posible al costo de explicaciones algorítmicas normales. Lo contrario sería tanto determinismo como reduccionismo, y ambos le prestan un flaco favor a comprender la complejidad de la vida, esto es, de los sistemas vivos.

Los sistemas vivos computan y crean siempre nuevas funciones que difícilmente pueden ser entendidas *ex ante*. Sin la menor duda, ni el desarrollo ni la evolución consisten en temas y problemas relativos a decidabilidad e indecidabilidad. La complejidad de lo que hacen los sistemas visos supera con mucho un marco semejante de explicación (Turing, 1936).

Al fin y al cabo la MT es tan sólo una de las formas posibles de computación, de suerte que es perfectamente legítimo sostener que la computación de los sistemas vivos no se reduce a una *MT de cualquier tipo*.

⁵ La mente –no el cerebro- es un sistema de reacción de los sistemas vivos al entorno. Pero la forma como los sistemas vivos reaccionan al medioambiente –esto es, literalmente, a la física- es creando nuevas realidades e introduciendo nuevas posibilidades que antes no existían. Esto define a un sistema vivo exitoso (*fittest*) y en esto exactamente consiste la adaptación. Dicho inversamente: cuantas menos posibilidades tenga un sistema vivo de reaccionar al entorno (= crear nuevos mundos) tanto más expuesto estará y se puede convertir en un organismo o especie endémico y ulteriormente desaparecer.

3. Comprendiendo y explicando los sistemas vivos

Queda dicho: los sistemas vivos carecen de cualquier tipo de solución algorítmica. De la misma manera, numerosos procesos biológicos, tales como fenómenos inmunológicos, nerviosos y otros carecen igualmente de cualquier solución algorítmica (Forrest y Hofmeyr, 2001). De esta suerte, la (HB) se hace necesaria, y procesos fundamentales tales como el aprendizaje, la adaptación, la autoorganización y la comunicación son posibles al precio de una explicación algorítmica normal. Dicho en el lenguaje más amplio de las ciencias sociales y humanas esto significa que los sistemas vivos ni se reducen ni se pueden comprender con base en normas, mandamientos, preceptos, recetas, planes y estrategias de cualquier tipo, misión, visión o tácticas. De consuno, los sistemas vivos son posibles al costo de, o en proporción directa a, la creatividad, la innovación, el juego, los desafíos y las apuestas, la contingencia y la adaptación (*fitness, adaptability*).

De manera más precisa, los sistemas vivos son sistemas alejados del equilibrio, caracterizados por la existencia de paisajes rugosos adaptativos, impredecibilidad, inestabilidad y fluctuaciones, entre otras propiedades. Así, existen procesos altamente complejos tales como el plegamiento de proteínas, la auto-reparación, la metabolización y la evolución en medio de paisajes rugosos adaptativos que requieren procesos computacionales distintos a los de una MT. Con toda seguridad, el desarrollo y la evolución no consisten en temas ni problemas relativos a decidibilidad e indecidibilidad, y a fortiori, tampoco consisten en problemas y temas atinentes a tractabilidad e intractabilidad (Mayfield, 2013).

Quisiera, por tanto, sostener, justamente, que el entrelazamiento entre biología y computación descansa en el reconocimiento de que los fenómenos y procesos vivos requieren de mucho más que de funciones no-recursivas. Cabe decir, por consiguiente, que, análogamente a lo que acontece en las relaciones entre la geometría euclidiana y las geometrías no-euclidianas, y entre la lógica formal clásica y las lógicas no-clásicas, por ejemplo, asimismo la arquitectura de Von Neumann y las ideas acerca de la computación del tipo TM y tCh-T son tan sólo casos

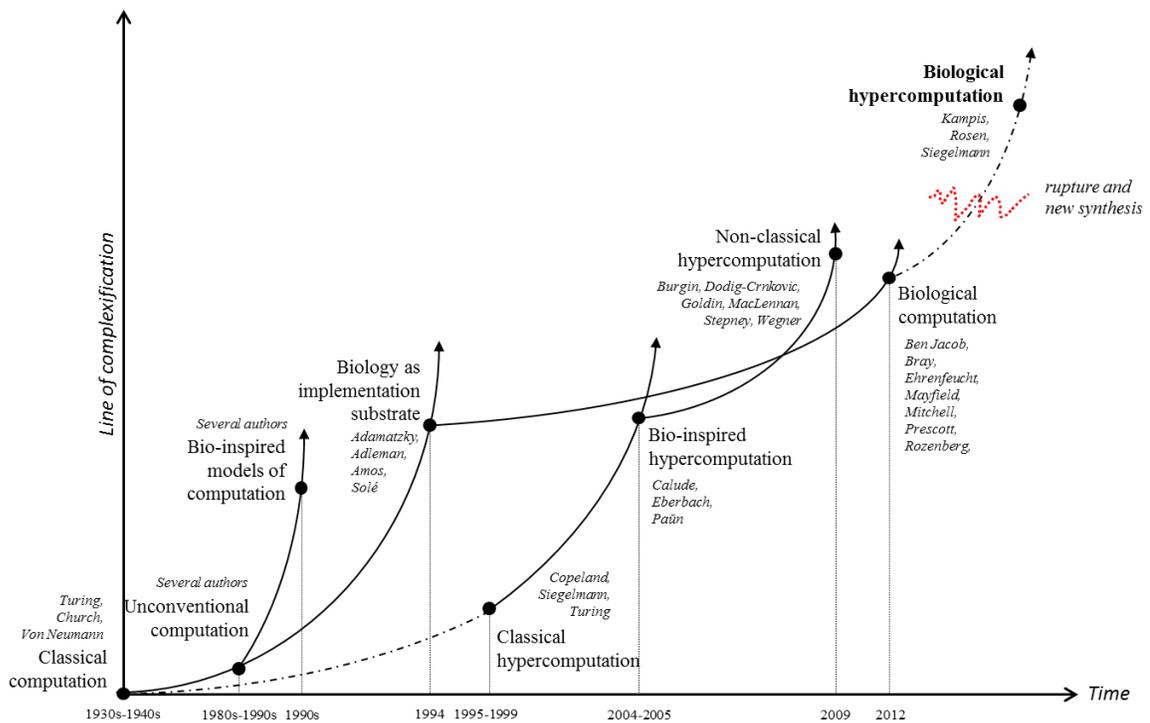
particulares de espectros bastante más amplios de comprensión (Louie, 2007). Comprender los sistemas vivos admite un giro semejante, y eso es exactamente lo que hace el concepto de (HB).

De esta suerte, los argumentos que soportan a la (HB) se condensan en:

- En tanto que sistemas complejos, los sistemas vivos no pueden explicarse a partir de momentos anteriores o inferiores. La vida en general es un sistema no-compresible, y sólo puede ser explicada en la medida misma en que se lleva a cabo (a cada paso);
- Los sistemas vivos, en tanto que no son ningún tipo de máquina de ninguna clase, no pueden reducirse a la física, y manifiestamente no a la física clásica o incluso al modelo estándar en física;
- La distinción entre los sistemas vivos y el medioambiente es meramente analítica o epistemológica, porque la verdad es que no puede trazarse una clara línea demarcatoria entre ambos. Así las cosas, los sistemas vivos evolucionan al unísono con el propio medioambiente;
- Por consiguiente, la interacción —y muy particularmente la computación interactiva— posee una fuerza expresiva bastante más amplia que las tesis clásicas basadas en el modelo MT;
- Los sistemas vivos no procesan información en términos de funciones lógicas clásicas. Por consiguiente, otras lógicas no-clásicas son posibles y necesarias. Un caso particular son las lógicas paraconsistentes;
- Desde el punto de vista computacional, la distinción entre hardware y software es irrelevante. Así las cosas, el dualismo en la comprensión y explicación de los sistemas vivos debe ser completamente superado;
- Para los sistemas vivos computar significa vivir. Consiguientemente, computar bien es un asunto que favorece ventajas evolutivas, y computar mal conduce a los sistemas vivos al riesgo, al peligro y a la extinción. La expresión más inmediata en biología de lo que es la computación puede ser adecuadamente entendida como metabolización. Esto es, la transformación de A en B.

El gráfico Nº 2 resume los avances de la computación, desde la computación clásica hasta la hypercomputación biológica mostrando siempre una línea de complejización creciente.

Gráfico Nº 2: Línea de complejización desde la computación clásica hasta la hypercomputación biológica



Fuente: Maldonado y Gómez (2015).

Como se aprecia sin dificultad, lo que emerge ante la mirada sensible es la importancia y necesidad de un enfoque no antropocéntrico, antropológico ni antropomórfico – de los sistemas vivos o de la forma como los sistemas vivos procesan información (Kampis, 1996; Tsuda et al., 2006). En otras palabras, la (HB) permite un encuentro y un cruce entre perspectivas tradicionalmente disjuntas, tales como la biología y la computación, la filosofía y la lógica, las matemáticas e incluso los estudios animales y la botánica.

Existen algunos conspicuos antecedentes en este sentido. De un lado, vale recordar que en uno de los libros pioneros alrededor del mundo que cifran las bases del conocimiento en la biología y no ya en las instancias que tradicionalmente psicólogos, teólogos y filósofos le habían adscrito – con diferencias entre ellos –, H. Maturana y F. Varela se interrogan: ¿cómo es pensar como un río? (Maturana y Varela, 1990). Desde otra perspectiva, en el marco de las ciencias cognitivas y la filosofía de la mente, un autor como Th. Nagel había considerado incluso: “Cómo es ser un murciélago” (*what is it like to be a bat*) (Nagel, 1995).

En otros ámbitos diferentes, en la antropología muy recientemente se ha introducido el problema acerca de ¿cómo piensan las selvas? (Kohn, 2013). Por su parte, en una aproximación eminentemente interdisciplinar, emergen los Estudios Animales (*Animal Studies*), uno de cuyos vértices es la dilucidación de la forma como piensan, sienten y viven los animales (Gross and Vallely, 2012). Y ello para no mencionar que, desde la antropología, una autora importante se detiene a pensar “cómo piensan las instituciones” (Douglas, 1996). Finalmente, a título ilustrativo, en el ámbito que anteriormente se denominaba la botánica, emerge y transforma a aquella en, la neurobiología de las plantas (Mancuso y Viola, 2015), con descubrimientos e investigaciones perfectamente novedosas e inopinadas cuando se las mira con los ojos del pasado.

Como se aprecia, el vector general consiste en considerar otras formas de pensar, de vivir y de relacionarse con el mundo y el entorno, que jamás se había tenido en consideración anteriormente. Cada uno de los capítulos constituyen mucho más que simples analogías. Se trata de la apertura de nuevos campos de conocimiento e investigación cuyo mérito central consiste en macar una distancia radical entre los modelos eminentemente antropológicos y antropocéntricos del mundo y de la realidad, de un lado, y todas las otras dimensiones de la vida, de otra parte. Asistimos a una magnífica naturalización de la epistemología (cfr. French, *et. al.*, 1994).

En verdad, comprender la singularidad de la vida y de los fenómenos y procesos vivos demanda una comprensión sintética de los mismos. Cualquier perspectiva analítica está condenada al

fracaso, por limitada y reduccionista. En términos más amplios, el propio universo, del que emerge y en el que se encuentra la vida en general, puede adecuadamente ser comprendido como un fenómeno computacional (Lloyd, 2006). El universo computa, pero no a la manera de una MT. Sin la menor duda, este puede decirse que es el objetivo último de la (HB), una comprensión que arranca desde el DNA y el RNA –y el RNA(m)-, hasta las bacterias, pasando por el sistema inmunológico hasta el organismo como un todo y la relaciones entre un organismo y otros –las ecuaciones Lotka-Volterra, por ejemplo- y entre un organismo y el medioambiente en general (Eberbach, 2005; Burgin and Eberbach, 2012), ulteriormente hasta abarcar a Gaia (o la Pachamama).

En otras palabras, los sistemas vivos son fenómenos sintéticos y *sintetizan* permanentemente información. La forma básica de los procesos vivos son síntesis: por ejemplo, síntesis de proteínas, síntesis de la imaginación, síntesis de iones, biopolímeros, metabolitos, síntesis de la percepción, el sexo como síntesis, en fin, el juego y la importancia de la intuición, de la imaginación, de mapas y relaciones. Ahora bien, si ello es así, la geometría en general, y la topología en particular, constituyen ejemplos conspicuos de síntesis. No en última instancia, la química desempeña un papel crucial, anterior y fundamental a la física, y entonces, en el marco de este texto huelga mencionar las síntesis químicas (Berry and Boudol, 1992)⁶.

Pues bien, quisiera subrayar el hecho de que los procesos de síntesis en los sistemas vivos son multiescalares, multinivel, alejados del equilibrio y caracterizados fuertemente por no-linealidad. No cabe la menor duda, así, acerca de la complejidad de los sistemas y procesos vivos.

Por lo demás, sostener que los sistemas vivos procesan términos completamente diferentes a números y funciones pone abiertamente de manifiesto que se necesitan otras matemáticas para comprender y explicar a los sistemas vivos (Kauffman, 2000). Cabe pensar razonablemente que se trata de las matemáticas de sistemas discretos, con lo cual la conclusión filosófica resulta

⁶ Cabe decirlo de manera puntual y directa: la física poco y nada sabe de síntesis. Por el contrario, la química es el terreno propio a partir del cual emergen síntesis. Una derivación de este idea es que la autoorganización es un concepto que emerge de la química y no de la física.

evidente: los sistemas vivos no son sistemas continuos, sino sistemas discretos. Cabe pensar aquí, en efecto, que los sistemas vivos son sistemas discretos, cuyas matemáticas (= lenguaje) son justamente las matemáticas de sistemas discretos.

Las matemáticas de sistemas discretos incluyen la teoría de conjuntos en general y los conjuntos parcialmente ordenados (*poset*, en inglés: *partially ordered sets*) en particular, los conjuntos extremos, la geometría discreta y combinatoria, la teoría de probabilidades discretas, en general los problemas combinatorios llamados propiamente como de complejidad combinatoria, la teoría de juegos y la teoría de la decisión racional, la topología, algunas lógicas no-clásicas, y en general las matemáticas de sistemas computacionales.

La vida en general consiste en una red de redes entrelazadas desde los arquea a las eukarias y las bacterias, y desde éstas hasta la biosfera, y todo ello en procesos al mismo tiempo homeostáticos y homeoréticos. Sencillamente, la vida no puede ser comprendida en términos analíticos, en ninguna acepción de la palabra “análisis”. Contra la tradición que se funda determinantemente en los *Primeros y Segundos Analíticos* de Aristóteles, y con él de toda la tradición occidental hasta la fecha, comprender y explicar la vida supone una capacidad de pensar en términos de síntesis. Pues bien, algunas puertas de acceso a pensar como síntesis son la química, la teoría de clases, la teoría de conjuntos, la teoría de tipos, la geometría y la topología o también las ciencias de redes complejas o algunas de las lógicas no-clásicas. Y en cualquier caso, emergen entonces inmediatamente ante la mirada reflexiva dos ejes axiales en el pensar el mundo y la naturaleza en términos de síntesis. Estos dos ejes son, de un lado, la importancia de las simetrías, y de otra parte, al mismo tiempo y en paralelo, la importancia de la búsqueda de patrones (*patterns*). Concomitantemente, el estudio de patrones y simetrías comporta pensar, investigar y vivir en términos de correlaciones y redes, notablemente redes complejas. El principio de causalidad queda así altamente relegado a posiciones muy secundarias. Como se aprecia, asistimos a una nueva expresión de las revoluciones científicas en curso. Hay que decirlo de manera expresa: la (HB) constituye una expresión puntual de las revoluciones en-proceso.

De esta forma, los sistemas vivos jamás trabajan en secuencias estratificadas y diversificadas, puesto que la información, la energía y la materia entran constantemente y son procesados y sintetizados en dinámicas paralelas, distribuidas, difusas y entrelazadas (Calude and Laun, 2004). Dicho de manera directa y fuerte desde la lógica en general: los sistemas vivos son no-monotéticos, esto es, nueva información altera o modifica información previamente adquirida. La importancia de la no-monotonidad invita a la mirada hacia las lógicas no-clásicas en general – un capítulo apasionante que, sin embargo, debe quedar aquí de lado.

4. Comunicación entre los sistemas vivos y la (HB)

Los sistemas vivos no se comunican simple y llanamente con base en signos y símbolos, como lo seres humanos, y como las explicaciones que abierta o tácitamente se fundan a partir de la comunicación entre los seres humanos podría hacerlo pensar. Por el contrario, la forma de base de la comunicación en la naturaleza es del orden geométrico, esto es, literalmente, a partir de formas, estructuras, mapas, configuraciones, y no en términos de objetos y relaciones entre objetos (McCabe, 2014). Biológicamente hablando, la forma primigenia de comunicación es la quimiotaxis, la cual sencillamente se cataloga entre quimiotaxis positiva y negativa.

Por el contrario, culturalmente los seres humanos se comunican a través de signos y símbolos. He aquí un enunciado trivial. La razón para que se haya privilegiado este tipo de comunicación se funda en las raíces de la forma de pensar y de vivir constitutivas de la humanidad (occidental). Consecuentemente, fuimos acostumbrados a pensar lineal, secuencialmente y por tanto a jerarquizar, priorizar, maximizar y optimizar – el mundo, la naturaleza y la vida misma. Esta constituye toda la historia del conocimiento fundado en el análisis y el ordenamiento: clasificación, jerarquización, taxonomías, y demás.

En contraste, una vez que integramos epistemológicamente la importancia de la naturalización de la epistemología, podemos pensar que los seres humanos *pueden* también comunicarse en términos de estructuras y procesos geométricos y topológicos. La hypercomputación biológica

consiste, a partir de los argumentos que la soportan mencionados en el párrafo anterior, en comunicación geométrica; o si se prefiere, como síntesis, en fin, basada en formas, patrones y estructuras. La expresión más elemental la provee la química.

G. Restrepo, en una conferencia no publicada, “De las barbas de José Luis a los elementos químicos” aporta, directamente desde la química, argumentos suficientes e esta dirección⁷. Restrepo no toca para nada la (HB), pero sus argumentos sí contribuyen a sostener los modos de comunicación entre los seres vivos en el marco de este texto. Los antecedentes de la idea de Restrepo se encuentran originariamente en (Villaveces, 2000: 23): “...la estructura química no puede corresponder a un objeto geométrico rígido, sino a un objeto topológico y las bases matemáticas de una concepción topológica de la estructura química se trabajan en la actualidad”.

Así las cosas, la topología química abre las puertas o sienta las bases para comprender los procesos de comunicación de y entre los sistemas vivos. No en última instancia, la topología química cuántica emerge como un marco propicio; con una advertencia. Los procesos, fenómenos y comportamientos cuánticos no hacen tanto referencia a fenómenos microscópicos que suceden acaso en los niveles inferiores a la célula (histología), sino, más adecuadamente, a los tiempos en los que suceden dichos fenómenos y comportamientos. Estos tiempos son, manifiestamente, microscópicos (Maldonado y Gómez Cruz, 2014).

5. Conclusiones y discusión

Los sistemas vivos son no-algorítmicos. Esta, puede decirse sucintamente, constituye la puerta principal de acceso que abre la hypercomputación biológica. Las consecuencias –en varios órdenes- de esta idea de no-algoritmidad aun debe ser estudiada y extendida a varios dominios y dimensiones. Aquí, sencillamente, se trata del reconocimiento explícito de que los

⁷ Conferencia presentada en la Academia de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Bogotá, Octubre 2015; sin publicar.

sistemas vivos no se reducen a normas, leyes o algoritmos de cualquier tipo, y que, por el contrario, se caracterizan por negar o rechazar cualquier clase de algoritmo – en la sociedad o en la naturaleza. La exploración de las consecuencias de esta idea es el objeto de otros trabajos.

La hypercomputación biológica permite vincular las escalas microscópicas con las macroscópicas en el estudio y comprensión de los sistemas vivos. Al fin y al cabo, para decirlo en términos computacionales, ya desde la célula misma, la distinción entre hardware y software deja de existir.

La química, conjuntamente con la geometría –y por derivación la topología- podrían contribuir, y acaso poseen la clave de la elucidación plena acerca de los mecanismos de comunicación entre los sistemas vivos. Recientemente el Programa Langlands en matemáticas suministra elementos determinantes cardinales en este sentido (Frenkel, 2015).

Existen, en diversas investigaciones en curso, notablemente sobre las plantas y entre las bacterias, descubrimientos que permiten ilustrar y que adicionalmente sirven como argumentos que soportan la tesis de este trabajo aquí. En otros ámbitos, la psicología (McCabe) y también las ciencias económicas (Kahneman, 2013) contribuyen, por caminos y desde intereses diferentes, en esta misma dirección. El punto aquí es que las ideas de la (HB) son robustas y permiten comprender la forma como los sistemas vivos, desde las bacterias hasta las plantas, desde los animales hasta los seres humanos, procesan información. Pues bien, la comunicación es una forma fundamental de este procesamiento de información.

Finalmente, como espero haberlo mostrado, el problema P II, mencionado al comienzo, queda elucidado por vía computacional. Si ello es cierto y tiene sentido, el camino queda entonces allanado para resolver el problema P I. Pero ese el objeto de otro texto aparte.

6. Referencias

- BALL, Ph. (2004). *Critical Mass. How One Thing Leads to Another*. New York: Farrar, Straus and Giroux.
- BEDAU, M. A. and CLELAND, C. E. (Eds.) (2010). *The Nature of Life. Classical and Contemporary Perspectives from Philosophy and Science*. Cambridge: Cambridge University Press.
- BEN-JACOB, E. (2009). "Learning from bacteria about natural information processing", en: *Ann. N.Y. Acad. Sci.*, 1178, 78-90.
- BERRY, G.; BOUDOL, G. (1992). "The chemical abstract machine". en: *Theor. Comput. Sci.*, 96, 217-248.
- BURGIN, M.; EBERBACH, E. (2012). "Evolutionary automata: Expressiveness and convergence of evolutionary computation", en: *Comput. J.*, 55, 1023-1029.
- CALUDE, C. S.; PAUN, G. (2001). "Computing with cells and atoms in a nutshell", en: *Complexity*, 6, 38-8.
- _____. (2004). "Bio-steps beyond Turing", en: *Biosystems*, 77, 175-194.
- CARROLL, S. B. (2006). *Endless Forms Most Beautiful. The New Science of Evo Devo*. New York: W. W. Norton & Norton.
- COPELAND, B. J. (2002). "Hypercomputation", en: *Minds*, Mach, 12, 461-502.
- DARWIN, Ch. (1995). *The Origins of Species by Means of Natural Selection*. New York: The Classics of Science Library.
- DAVIES, P.; GREGERSEN, N. H. (Eds) (2010). *Information and the Nature of Reality: From Physics to Metaphysics*. Cambridge: Cambridge University Press.
- DOUGLAS, M. (1996). *Cómo piensan las instituciones*. Madrid: Alianza.
- EBERBACH, E. (2005). "Toward a theory of evolutionary computation", en: *Biosystems*, 82, 1-19.
- EBERBACH, E.; GOLDIN, D.; WEGNER, P. (2004). "Turing's ideas and models of computation", en: *Alan Turing: Life and Legacy of a Great Thinker*; Teuscher, C., (Ed.), Berlin: Springer Verlag, pp. 159-194.
- EHRENFEUCHT, A.; KLEIJN, J.; KOUTNY, M.; ROZENBERG, G. (2012). "Reaction systems: A natural computing approach to the functioning of living cells", en: *A Computable Universe: Understanding and Exploring Nature as Computation*, Zenil, H., (Ed.), Singapore: World Scientific, pp 207-226.

FORREST, S.; HOFMEYR, S. A. (2001). "Immunology as information processing", en: **Design Principles for the Immune System and Other Distributed Autonomous Systems**, Segel, L. A.; Cohen, I. R. (Eds.), Oxford: Oxford University Press, pp. 361-387.

FRENCH, P. A.; UEHLING, Jr. Th. E.; WETTSTEIN, H. (Eds.) (1994). **Midwest Studies in Philosophy**, Vol. XIX. *Philosophical Naturalism*, Indiana: University of Notre Dame Press.

FRENKEL, E. (2015). *Amor y matemáticas*. Barcelona: Ariel.

GOLDIN, D.; WEGNER, P. (2008). "The interactive nature of computing: Refuting the strong church-turing thesis", en: **Minds**, March, 2008, 18, 17-38.

GOLDIN, D.; SMOLKA, S. A.; WEGNER, P. (Eds.) (2006). **Interactive Computation: The New Paradigm**. Berlin: Springer Verlag.

GROSS, A. and VALLELY, A. (Eds.) (2012). **Animals and the Human Imagination. A Companion to Animal Studies**. New York: Columbia University Press.

IGNATOVA, Z.; MARTÍNEZ-PÉREZ, I.; ZIMMERMANN, K. (2008). **DNA Computing Models**. Berlin: Springer Verlag.

JABLONKA, E. and LAMB, M. J. (2006). **Evolution in Four Dimensions. Genetic, Epigenetic, Behavioral, and Symbolic Variation in the History of Life**. Cambridge, MA: The MIT Press.

KAMPIS, G. (1996). "Self-modifying systems: A model for the constructive origin of information", en: **Biosystems**, 38, 119-125.

KAHNEMAN, D. (2013). **Thinking, Fast and Slow**. New York: Farrar, Straus and Giroux.

KARI, L.; ROZENBERG, G. (2008). "The many facets of natural computing", en: **Commun ACM**, 51, 72-83.

KAUFFMAN, S. (2000). **Investigations**. Oxford: Oxford University Press.

KOHN, E. (2013). **How Forests Think. Toward an Anthropology beyond the Human**. Berkeley: University of California Press.

LLOYD, S. (2006). **Programming the Universe. A Quantum Computer Scientist Takes on The Cosmos**. New York: Alfred A. Knopf.

LOUIE, A. H. (2013). "A living system must have noncomputable models", en: **Artif. Life**, 13, 293-297.

MCCABE, V. (2014). **Coming to Our Senses. Perceiving Complexity to Avoid Catastrophes**. Oxford: Oxford University Press.

MACLENNAN, B. (2009). "Super-Turing or non-Turing computation? Extending the concept of computation", en: *Int. J. Unconv. Comput.*, 5, 369-387.

MALDONADO, C. E. & GÓMEZ-CRUZ, N. A. (2014). "Synchronicity Among Biological and Computational Levels of an Organism: Quantum Biology and Complexity". *Procedia Computer Science* 36, 177-184. DOI: 10.1016/j.procs.2014.09.076.

_____. (2015). "Biological Hypercomputation: A New Research Problem in Complexity Theory", en: *Complexity*, Vol. 20, Issue 4, págs. 8-18.

MANCUSO, S.; VIOLA, A. (2015). *Brilliant Green. The Surprising History and Science of Plant Intelligence*. Washington, D. C., Island Press.

MATURANA, H.; VARELA, F. (1990). *El árbol del conocimiento. Las raíces biológicas del conocimiento*. Madrid: Debate.

MARGULIS, L.; SAGAN, D. (2003). *Captando Genomas. Una teoría sobre el origen de las especies*. Barcelona: Kairós.

MAYFIELD, J. E. (2013). *The Engine of Complexity: Evolution as Computation*. New York: Columbia University Press.

MITCHELL, M. (2012). "Biological computation", en: *Comput J.*, 55, 852-855.

NAGEL, Th. (1995). "What is it like to be a bat", en: *Mortal Questions*. Cambridge: Cambridge University Press, pp. 165-180.

STANNETT, M. (2006). "The case for hypercomputation", en: *Appl. Math. Comput.*, 178, 8-24.

STEPNEY, S. (2009). "Non-classical hypercomputation", en: *Int. J. Unconv. Comput.*, 5, 267-276.

STEWART, I. (1998). *Life's Other Secret. The New Mathematics of the Living World*. New York: John Wiley & Sons.

SYROPOULOS, A. (2008). *Hypercomputation: Computing Beyond the Church-Turing Barrier*. New York: Springer Verlag.

TSUDA, S.; ZAUNER, K. P.; GUNJI, Y. P. (2006). "Computing substrates and life", en: *Explorations in the Complexity of Possible Life: Abstracting and Synthesizing the Principles of Living Systems*, Artmann, S., Dittrich, P., (Eds.), Amsterdam: IOS Press, pp. 39-49.

TURING, A. M. (1936). "On computable numbers, with an application to the entscheidungsproblem", en: *Proc. London Math. Soc.*, 42, 230-265.

VILLAVECES, J. L. (2000). "Química y epistemología", en: *Revista Colombiana de Filosofía de la Ciencia*, Vol. 1, Nos. 2 y 3, pp. 9-26.

WEGNER, P.; EBERBACH, E.; BURGİN, M. (2012). "Computational completeness of interaction machines and Turing machines", en: ***Turing-100. The Alan Turing Centenary***, Voronkov, A., (Ed.), EasyChair: Manchester, pp. 405-41.