

ÍNDIX DEL DOCUMENT "EXACTITUD CIÈNCIES COMPLET"

Darrera actualització 2012-09-06

- .0 ADDENDA 2012-09-06
- .1 LA SEMIOLOGIA INTRÍNSECA I L'HIPÒTESI HOLÍSTICA: ANTICIPACIÓ ALS RECENTS
DESCOBRIMENTS DE LA GENÈTICA (ADDENDA DEL 2007-06-15)
- .2 L'EXACTITUD A LES CIÈNCIES
- .3 ANNEXOS (2007)
- .4 CORRESPONDÈNCIA AMB D. BUENO SOBRE R. GUIGÓ I F. COLLINS
- .5 CARTA A BOURBAKI
- .6 NOTICIA RELATIVA AL PROJECTE "ENCODE"

ADDENDA 2012-09-06

Al final del document s'adjunta el resum periodístic de la informació de la premsa d'avui del projecte ENCODE, publicada recentment per la revista Nature (i la informació original d'aquesta revista, disponible a la seva Web).

Resumidament:

- que la visió exclusivament seqüencial donada fins avui al Genoma és **insostenible** (això ja ho varen reconèixer diversos experts des del 2007, tal com es comenta en l'Addenda següent, del 2007-06-15)
- que l'ADN fins avui anomenat "escombraria" perquè se suposava que **no** servia per a res, **no** ho és tal, sinó que a l'inrevés, comença a ser la clau d'important informació.
- sense que es digui explícitament (els genetisme "oficial" encara **no ha digerit** la importància de l'epigenètica, perquè els desmunta la "transcendència" de la genètica i el **prepotent dogmatisme que ha imposat a les ciències de la salut** en els darrers decennis), l'ADN escombraria comença a donar explicacions detallades dels mecanismes epigenètics. Pel lector no informat, l'epigenètica ha **constatat inequívocament** que la informació dels gens no és en absolut "absoluta", sinó que depèn de les interaccions amb el medi extern als gens (tot l'individu i més indirectament fins i tot el medi extern a ell), de manera que el "destí" que se suposava que els gens assignaven a l'individu, no ho és tal, és un destí "**modificable**". Una de les conseqüències és **invalidar d'arrel** la major part de les conclusions i correlacions dels estudis genètics fets fins ara en l'àmbit mèdic i més especialment de la salut (per no dir les **aberracions** que en nom de la genètica s'han afirmat sobre aspectes psicològics, com la intel·ligència). Una altra, **històrica**, és que les hipòtesis lamarquianes no són del tot infundades i, ni que sigui parcialment, haurien de ser **re-avaluades** en un futur des d'aquesta perspectiva epigenètica.
- finalment, més enllà d'acceptar la insostenibilitat de la perspectiva exclusivament seqüencial, ja es comença a parlar d'**una nova perspectiva** que la substituirà en el futur, batejada com "**no-lineal**" o "**geomètrica**" (veure notícia al final del document). Ambdues denominacions desafortunades per simple **ignorància**, atès que es tracta de "**relacionabilitat**" tal com explico en aquest document del 2007, que si el lector te prou curiositat científica podrà llegir amb algun inevitable esforç propi de qualsevol canvi de paradigma, especialment esforç d'humilitat si és expert en genètica. Es tracta d'una relacionabilitat fàcil d'entendre si s'entenen els mecanismes del coneixement humà (relacions, operacions, coneixements simples i compostos, ...), doncs en definitiva, si el coneixement existeix no és per creació divina o espontània, sinó que és una herència i adaptació d'estructures prèviament existents, de les que es deriva (de nou l'habitual fenomen de la "Transferència d'elements metodològics entre sistemes existencials", tan habitual i transcendent, com desconegut per la comunitat científica). Això és el que descobriran amb sorpresa els genetistes –al ritme que van– d'aquí a 10 o 20 anys...

És inevitable fer els següents comentaris:

- dir que no s'entén alguna cosa i treballar per a aclarir-ho és **científic i honest**, assignar-li la qualificació d'escombraria és d'**estúpid i prepotent**, valoració que cal fer de **tots** els milers de científics que han conviscut durant anys, complaents, amb aquesta denominació.
- la investigació científica no avança donant pals de cec (es diu que el 90% de les conclusions de la investigació científica no serveix per a res, només per a descartar/ rectificar) de manera inevitable, sinó que per **manca d'humilitat i sentit comú**, per **prepotència i interessos creats per la pròpia estructura** que sustenta la comunitat científica.

Finalment, tot i que l'escrit és del 2007 feia molt temps, anys, que el volia escriure. No ho feia pensat "¿per a que escriure el que ningú està disposat a entendre?". Sortosament, la fortuïta relació amb un genetista en aquelles dates (D. BUENO) em va animar a fer-ho pensant que potser tindria **un** lector interessat...

I també que, dins l'escrit que el lector te a les mans, aquesta qüestió de la genètica és només **una part petita** dels temes tractats, n'hi ha d'altres per a mi tan o més importants.

Carles UDINA i COBO 2012-09-06

LA SEMIOLOGIA INTRÍNSECA I L'HIPÒTESI HOLÍSTICA: ANTICIPACIÓ ALS RECENTS DESCOBRIMENTS DE LA GENÈTICA (ADDENDA DEL 2007-06-15).

La ciència, per a ésser-ho, ha de preveure el comportament dels fenòmens, descrivint els seus efectes. Per exemple, les fórmules matemàtiques anticipen els efectes mitjançant dades numèriques, tal com explica "[L'exactitud a les ciències](#)".

Però hi ha **un nivell superior** de predicció, quan **s'anticipen en el seu conjunt nous comportaments/ fenòmens, encara desconeguts empíricament**. És un succés excepcional, molt menys habitual*.

* No es tracta doncs d'una troballa mig fortuïta o d'una fórmula específica, que –per allò de que com hi ha mils d'investigadors– algun l'ha d'encertar necessàriament, per simple probabilitat.

Un cas d'aquesta anticipació són els comentaris que seguiran de "[L'exactitud..](#)" sobre l'existència d'un comportament en la codificació genètica que podríem dir-li "lingüístic-algebraic"* (relacions, operacions, coneixements simples i compostos, ...). Un comportament que tot just ara es comença a entreveure empíricament però ja **es va deduir fa 5 anys amb la semiologia intrínseca i l'hipòtesi holística**.

* És a dir, una estructura de "Sistema simbòlic" ($\pm M, +S$)

"[L'exactitud..](#)" esta escrit el febrer del 2007 i registrat el 2007-03-06, en el ben entès que passen a net unes notes de fa quasi 5 anys abans, de l'estiu del 2002*. Tot seguit es va traduir al francès i es va enviar a "[Bourbaki](#)" amb motiu de la celebració del "Dia del llibre" (2007-04-23).

* Conjuntament amb uns comentaris sobre "[Les proteïnes](#)" (2002-08-20), comentades a diverses persones en aquell any, però igualment no registrades en aquell moment.

Molt posteriorment a tot això, a "TV3" (2007-06-13) i a la premsa escrita del dia següent (2007-06-14), van aparèixer les notícies que es comenten tot seguit, sobre les darreres investigacions del Genoma, també publicades a "Nature" i "Science".

En conseqüència, **aquestes darreres conclusions de la investigació del Genoma ja estaven deduïdes molts anys abans, a través del model de l'estructura del coneixement, del pensament i de la psique. I es poden deduir moltes més conclusions**.

L'encert d'aquest model del coneixement, del pensament i de la psique es pot demostrar de moltes diverses maneres. És una teoria sòlida en aquest àmbit (una altra qüestió és que encara no estigui difosa), que seria útilment aplicable en tots els àmbits del coneixement i de la comunicació.

El que fins i tot pugui anticipar comportaments en altres àmbits*, constata **la potència i abast d'aquest model. Un abast estrictament holístic (=global i interrelacional), que fa de l' "Hipòtesi holística" una "teoria" certa, i que permet parlar de Semiologia intrínseca i de Ciència universal**.

* S'ha d'afegir també descobriments com "*...superposiciones cuánticas de estados en los que algo así como 10 000 millones de electrones se están comportando de modo diferente. Hace unos años esto parecía una quimera.*" amb la conclusió que "*...la mecánica cuántica desaparece y debe ser reemplazada por algún otro tipo de teoría que ahora no podemos ni imaginar.*" (A. LEGGETT, Premi Nobel de física 2003, a "El País" 2005-06-18), que fa de la semiologia intrínseca i l'hipòtesi holística **una immillorable candidata** a explicar els sorprenents comportaments d'aquest àmbit de la física, a diferència de totes les preteses "teories" actuals ("grans unificacions", "supercordes", ...), que cada dia són més insuficients i qüestionables. Veure "[Els simbolismes pre-materials. Una perspectiva holística per a les Teories d'unificació de les 4 forces](#)" (C. UDINA, 2004-11-12) i "[Lettre a COHEN-TANNOUDJI](#)" (C. UDINA, 2004-11-20).

“El que us haig de dir sobre la circulació de la sang és tan nou i inèdit,
que em preocupa no només per produir l'enveja de molts,
sinó que fins i tot em fa por que tota l'humanitat es torni en contra meu”

William HARVEY (1578-1657), al exposar novament la circulació de la sang
(al seu tractat “Exercitatio Anatomica de Motu Cordis et Sanguinis in Animalibus”, 1628),
75 anys després que CALVINO cremés a la foguera Miquel SERVET (1511-1553) per afirmar el mateix.

RESUM

El document tracta el tòpic de l'exactitud, generador d'**equivocs omnipresents** arreu.

Recopilat a primers del 2007 d'unes notes molt anteriors (2002), sortosament va ser registrat **abans** que es coneguessin profundes crítiques sobre la investigació genòmica feta pels seus mateixos investigadors i publicades a revistes com “Science” i “Nature”.

“Sortosament” (veure la correspondència dels “Annexos” d'aquest document) perquè aquestes crítiques ja **s'havien formulat anys abans** com a conseqüència de l'estudi del Sistema conceptual i dels sistemes simbòlics a suport simbòlic de la psique, el que constata l'abast i aplicabilitat d'aquesta teoria. Més encara, indica **cap a on haurà d'orientar-se la investigació del genoma** en el futur per a no caure en similars errors, errors que han acompanyat la genètica des del seu inici, des de fa segle i mig amb la ignorància de MENDEL, passant pel menyspreu de SUTTON i altres, fins al presumible plagi de WATSON, CRICK i WILKINS (a Rosalind FRANKLIN, incloses les absurdes conclusions masculistes i racistes del primer, àmpliament comentades a “Què és la Intel·ligència?”).

L'escrit fa profundes **reflexions** sobre l'estat actual i les tendències de la investigació **genètica** i de la **física teòrica**. I també sobre actituds de la **lingüística** i de la **lògica** matemàtica.

A partir d'ell, es referencien altres documents que són **de més fàcil lectura** si abans s'ha entès aquest, especialment “La teoria holística”.

Va ser escrit també com homenatge a l'associació “BOURBAKI”, tal com s'explica a la carta que també figura als “Annexos” d'aquest document. Malauradament, els actuals membres d'aquesta associació no tenen gaire a veure amb els seus insignes fundadors.

L'EXACTITUD A LES CIÈNCIES

Carles UDINA i COBO

2007-02-02

L'EXACTITUD A LES CIÈNCIES

Carles UDINA i COBO

2007-02-02

L'exactitud numèrica de les ciències "exactes".

Galileo GALILEI ja deia que cal mesurar tot lo mesurable i el que no és mesurable intentar que ho sigui.

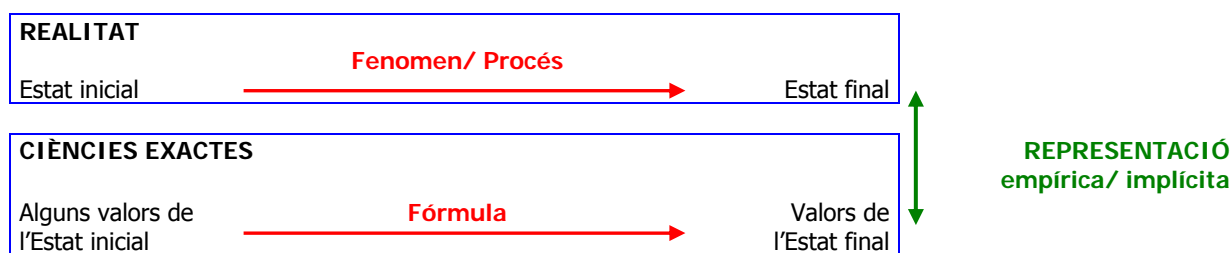
Però de la inercialitat de GALILEI fins avui han aparegut molts altres descobriments: la Teoria de la relativitat, la mecànica quàntica, l'inconscient, la genètica, ... i d'altres més. Per això, sense cap menyspreu d'aquesta extraordinària persona, avui també cal fer alguns afegits a l'exclusivista importància de lo mesurable.

La Ciència ho és en quan és capaç de predir comportaments. Per exemple la trajectòria d'un mòbil (que estudia la cinemàtica).

La representació matemàtica dels fenòmens és el recurs al que recorren totes les ciències per a aquesta predicció, amb "lleis" que s'expressen mitjançant la representació amb fórmules. Fórmules que permeten el càlcul, la predicció, a suport de mesures. L'exactitud de la matemàtica, estrictament l'exactitud del càlcul matemàtic amb números, va portar a dir "Ciències exactes" a les ciències que poden representar els seus fenòmens amb fórmules matemàtiques i donar solucions numèriques.

Segons això, física, química, ... es diu que són exactes. Biologia, psicologia, medicina, ... es diu que no ho són. Veurem, però, que és una classificació no només equívoca sinó que a més a més, equivocada.

També, amb freqüència, s'ha manifestat una certa frustració de científics de la biologia, medicina, ... front els físics i la "rigorositat"/ exactitud de les seves lleis. La dita "enveja de la física". O a l'inrevés, cert grau de prepotència d'alguns físics en relació a d'altres científics. Una situació, com veurem, totalment injustificada i injustificable.



Esquema 1. Representació numèrico-algorítmica de les Ciències "exactes"

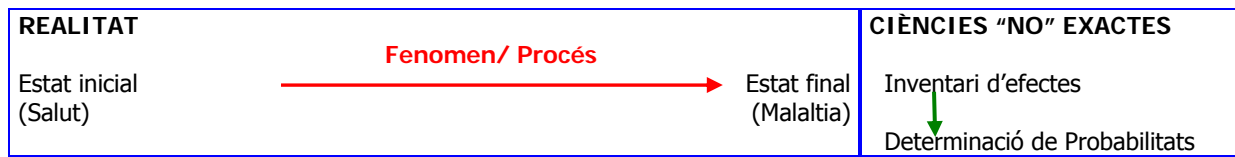
Cal aclarir en l'esquema que la "Fórmula" no és una descripció del Procés. Només hi ha una representació algorítmica per a obtenir valors dels efectes mitjançant la fórmula, sense cap pretensió de saber el "com" es desenvolupa el procés. És una metodologia empírica on el procés resta implícit.

Un exemple són les fórmules del "Camp físic", com la fórmula del camp gravitacional, de l'electromagnètic, ... Grosso modo, les fórmules ens permeten calcular la posició a cada moment, com en la caiguda de la poma que comentarem, però no diuen absolutament res del "perquè" és possible l'existència d'una realitat tan "màgica" com és el Camp físic i/o del "com" es possible la seva dinàmica (veure [.00] Le concept de "Champ physique" a "Théorie holistique")

Les aproximacions estadístiques de les ciències de la vida.

A les ciències de la vida (biologia, medicina, ...) no disposem de fórmules amb les que calcular exactament per a predir l'aparició d'una malaltia. No hi ha una representació del fenomen. Només podem fer estadístiques i correlacions, i d'aquesta manera parlar d'una probabilitat d'adquirir una malaltia, el que individualment no vol dir res (encara que en el nostre grup de risc tinguem un 99.99% de probabilitats d'adquirir-la, res impedeix que siguem del 0.01% restant i no l'agafem). Individualment no hi ha cap certesa/ exactitud.

És a dir, en les ciències de la vida ens hem de restringir a inventariar els efectes d'un conjunt de casos i amb això inferir futurs comportaments globals en base a aquests efectes inventariats. No hi ha predicció estricta, individualitzada. Podríem dir-li "empirisme de poblacions".



Esquema 2. Probabilitat estadística de les Ciències "no exactes"

El problema dels "n-cossos".

Però estem comparant malament, estem fent trampes sense adonar-nos. Si deixem caure la poma, tampoc complirà les conegudes equacions de la cinemàtica galileana. Caurà una mica més a poc a poc per l'efecte del fregament de l'aire. De dos cossos, la Terra i la poma hem passat a tres cossos: la Terra, la poma i l'aire. Amb dos lligams –gravetat i fregament– l'equació ja és molt més complexa, i cal una equació –gens fàcil de formular amb exactitud– per a cada forma i per a cada pes de la poma.

Amb cossos de forma més estrambòtica, la complexitat pot ser tal que fins i tot ens hem de començar a plantejar deixar les fórmules i el càlcul, i, en lloc d'això, fer unes mesures de la caiguda de diversos tipus d'objectes, fer unes taules i aproximar caigudes en base a interpolar dades de les taules (una manera de procedir característica de l'enginyeria). Un exemple pròxim són els habituals túnels de vent per a obtenir coeficients aerodinàmics de cotxes i avions, que serien incalculables analíticament.

Això sí, les pomes sempre cauran, mai aniran amunt, mentre que en el cas de la malaltia pot ser que l'agafem o no. Però en tot cas, al complexar-se el problema l'exactitud se'n està "esvaint", ens estem anant cap al cas "inexacte" de les malalties.

Imaginem que no tenim tres cossos (la Terra, la poma i l'aire) sinó que molts, el que a la física es representa pel terme lexico-gràfic "n-cossos". Llavors el problema és irresoluble*.

* Potser és per això –per a dissimular la impotència– han aparegut unes estrambòtiques "Teories del caos", quan per definició etimològica, "Caos" és allò que encara no abastem a entendre. Si no s'entén, es pot fer una conjectura, com a molt una hipòtesi arriscada, però mai una teoria. Així doncs, una expressió tan absurda com una altra freqüent, "Realitat virtual", atès que "Realitat" i "Virtualitat" tenen intersecció buida perquè són conceptes complementaris.

En l'àmbit dels "n-cossos" l'exactitud desapareix tal com no existeix amb la malaltia. Un exemple prou conegut són els continus errors de les prediccions meteorològiques de la física de l'aire a només uns pocs dies. O a unes poques hores, quan tampoc podem saber on caurà la tempesta o per on passarà un tornado.

La trampa està en que hem pretès tractar el cos humà, una complexíssima estructura de molts sistemes interrelacionants (un "super n-cos"*), com un simple projectil. Un cos és fins i tot més complex que un entorn local per a la meteorologia. Amb "n-cossos" no hi ha exactitud mai, ni en biologia ni en física. La informació inicial a reunir és massa gran i els càlculs són massa complexos fins i tot pels potents ordinadors actuals.

* Veure a la [carta a LESHNER, "Science", "But ... `What is life?"](#)

Termodinàmica

Si no ens refugiem en la comoditat del sòlid rígid i augmentem els graus de llibertat i/o els "individus", l'absolutisme de l'exactitud física s'esvaeix perquè en un sistema termodinàmic podem trobar coexistent:

- l'estat sòlid –i en el cas del gel, gel en diverses sots-estats o estructures–,
- l'estat líquid i
- fins i tot l'estat gasós, amb un moviment –dit "brownià"– totalment erràtic i impredecible.

Gens diferent del cas de la malaltia:

- uns ni es contagien,
- uns altres fins i tot s'immunitzen,
- uns altres son portadors sense manifestar-la,
- uns altres la desenvolupen però sobreviuen amb més o menys seqüeles, i finalment

- uns altres moren.

La termodinàmica és essencialment estadística, és un paradigma per a l'estadística. Si poguéssim seguir individualment a una sola molècula del sistema termodinàmic, tampoc podríem predir en quins dels estats esmentats acabarà. Només podem oferir un ventall* de probabilitats, una per a cada cas.

* Amb aquest mot tan escaient, renuncio a l'snobisme d'emprar el francofonisme "forquilla".

Encara pitjor, en el sistema termodinàmic els individus són tots iguals, simples molècules indistingibles entre elles. En la població és clar que tots són individus de la mateixa espècie, però uns individus molt complexos, perfectament distingibles entre ells.

Indeterminisme

Encara pitjor. Deixem el còmode nivell de lo macroscòpic, dels objectes materials, i endinsem-nos cap a nivells progressivament més simples: les substàncies, d'aquí a les molècules, d'aquí als àtoms i finalment al nivell estructural de les partícules físiques. Suposem l'experiment de les interferències de YOUNG. Llavors no tan sols no hi ha exactitud sinó que encara pitjor, apareix l' "Indeterminisme". No sabem ni per quin forat passarà la partícula. A la mecànica quàntica mai tenim cap garantia, com en la malaltia si l' agafarem o no. Avui tota la física dita "teòrica" està impregnada, no per la inexactitud, sinó que encara pitjor, per la incertesa, per l'indeterminisme*.

* Com es veurà, la finalitat d'aquest escrit és plantejar que es tracta d'un indeterminisme només aparent, possiblement degut al desconeixement d'unes necessàries estructures simbòliques d'informació, subjacents a les partícules elementals de la física (veure [.14] a "Théorie holistique", "L'apparition des symbolismes dans le Mécanique quantique. Les quatrièmes symbolismes, á reconnaître"), perquè podem plantejar –com s'ha dit, sembla més aviat una necessitat– que la matèria també tingui les lleis de les seves interaccions més bàsiques escrites explícitament en les pròpies partícules interaccionants.

A petites distàncies, petites partícules i/o grans energies, tornen a aparèixer les probabilitats (de trobar l'electró, ...), és a dir, tornem a l'àmbit de l'estadística i marxem del de l'exactitud.

Exactitud, però no en forma numèrica sinó que en forma de certesa intrínseca

Procedim a l'inrevés. En lloc d'una cosa tan complexa com un ésser viu, tractem amb algun element biològic molt més petit. Per exemple, una seqüència d'ADN. No cal que sigui d'unes poques bases carbonades. Fins i tot pot tenir desenes o centenars d'elements, com amb la següent seqüència de 66 bases carbonades:

CCU CCC CCA CCG CCU CCC CCA CCG AAA AAG AAA AAG AAA AAG AGA AGC AAA AAG GUU GUC GUA GUG

Representada pels quatre valors "discrets" que suposen les quatre bases: "A" Alanin, "C" Citosin, "G" Guanin, "U o T" Uracil o Timin, com un simple codi o sistema numèric quaternari.

podem estar ben segurs que la cèl·lula respondrà exactament amb la síntesi de l' "Antígen T de SV40", un polipèptid. Una predicció **totalment exacta**. Això serà així sempre que no interfereixin unes condicions ambientals adverses, que pel mateix seria com transformar un problema d'uns pocs cossos, en un problema de "n-cossos".

La certesa de la síntesi pèptida/ proteica és total, però a més a més és una exactitud intrínseca (veure quadre adjunt). No és l'exactitud numèrica extrínseca de la física, en base a una representació matemàtica feta per l'home. La llei no és una fórmula matemàtica representadora, **la llei està escrita explícitament en la mateixa seqüència**, en la mateixa codificació genètica perquè **és el mateix ADN qui executa/ gestiona** la síntesi. És una **llei d'expressió simbòlica**, en lloc d'una expressió numèrica de les lleis matemàtiques tradicionals.

Intrínsec

Mot que representa a les característiques pròpies d'una cosa o fet. Equival a inherent. Lo intrínsec mai pot ser subjectiu.

Extrínsec

Mot que representa al que s'associa –o associem– a una cosa o fet, però que és dissociable d'ell. S'adscriu a lo circumstancial i/o conjuntural.

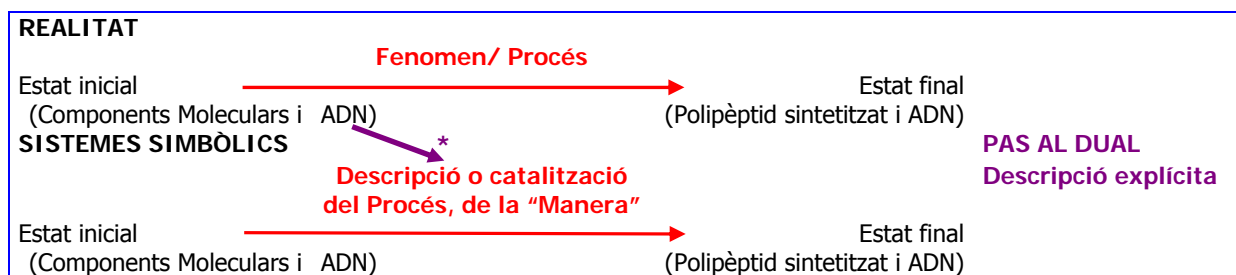
Intrínsec i extrínsec són conceptes qualitius excloents i disjunts (o una cosa o l'altre) i ambdós qualifiquen, des d'aquesta perspectiva, a la totalitat del que existeix.

Amb l'ADN no ens cal ni un càlcul matemàtic. Pel contrari, si volguéssim justificar amb fórmules matemàtiques els processos d'enllaços químics i/o d'interaccions físics que permeten la síntesi d'un simple polipèptid deguda a l'acció catalitzadora d'uns codons, ens caldria recopilar innombrables articles de bioquímica, de química, de física i de matemàtica, i redactar uns quants més.

Una fórmula només descriu un fet constatat, però no ho explica. Una fórmula no dóna cap comprensió de com es genera el camp físic o com s'atrau la partícula. WATSON CRICK i WILKINS, amb les aportacions prèvies de Rosalind FRANKLIN* i la regla de CHARGAFF, van començar a explicar com actua l'ADN per a ser el transmissor dels caràcters hereditaris i el gestor de tota l'activitat vital en general.

* Tot sembla indicar que fou Rosalind la que ho va descobrir. Però, aprofitant el masclisme de l'època, li van copiar i publicar sense el seu consentiment. Com Rosalind va morir poc després i els Premis Nobel només es poden donar a tres persones, encara va ser més fàcil el previsible plagi.

Exactitud fins al punt que fins i tot una seqüència de bilions de bases carbonades de l'ARN/ ADN, tot el genoma, defineix inequívocament quelcom tan complex com un individu, llevat és clar, de l'acció d'elements ambientals distorsionadors (contaminació, ..., radiacions ionitzants, ..., Talidomida, ...). L'ARN/ ADN defineix tant l'estructura i les formes, com tota la dinàmica de funcionament.



Esquema 3. Dualitat algebraica i exactitud intrínseca

La fletxa lila inclinada indica que l'Estat inicial ja incorpora les "Instruccions", la "Manera de fer" del mateix procés que s'ha de realitzar i que l'executa. Així, en el cas de la cèl·lula, aquesta incorpora tant l'ADN com els components moleculars que, mitjançant l'ADN, sintetitzaran en els pèptids/ proteïnes corresponents, més l'ADN que es recicla i conserva per a una nova ocasió.

Des de fa 100 Any la matemàtica anomena "Pas al dual" a aquest tipus de correspondència que la vida executa des de fa 4 000 MAny. És habitual representar-lo amb una estrella "*" (Operador estrella/ Star operator). Conèixer el concepte de "Dualitat algebraica" (lluny del que sembla, és un concepte intuïtiu, com es pot veure a l'Annex corresponent) permet començar a entendre la diferència que hi ha –estrictament una ruptura– entre els sistemes materials tradicionals i els sistemes simbòlics (com la psique, tal com va posar de manifest FREUD, o la genètica). Deixant això a part perquè no ho tractarem aquí, el concepte de dualitat algebraica també fa entendre la potència predictora del codi genètic o la potència de la intuïció dels nens: un "Pas al dual" és com una "Metadada" (veure Annex corresponent).

A diferència de l'empirisme exclusiu, pur i dur, aquí podríem parlar d'"Estructuralisme", "Constructivisme".

Nombres sencers i nombres reals.

Quan és suficient la representació amb el "Nombre sencer", l'exactitud pot ser una característica intrínseca que no cal buscar, perquè ja hi és. El problema de l'exactitud només es planteja quan apareix la representació amb el Nombre real.

Només cal recordar l'elegància de les Equacions diofàntiques o de l'Anàlisi dimensional, perquè només admeten nombres sencers. Però malauradament, poques vegades trobem realitats on les podem aplicar. Malauradament, perquè en aquest àmbit dels nombres sencers no hi ha marge d'"error", només hi ha la "certesa" o la "falsedat".

Un exemple proper i que tothom entendrà, és el de la informàtica. L'estructuració de senyals en base al codi binari ("0" o "1" com valors exclusius, valors "digitals" o "discrets" en terminologia matemàtica) permet tot tipus de controls per a garantir la "fidelitat", hi ha seguretat absoluta de la correcta comunicació de les dades.

A l' inrevés, el nombre real no és gens fidel. Un ordinador amb tecnologia analògica (amb valors associats als nombres reals i amb continuïtat, sense les discontinuïtats de lo discret) no ho permet, no és exacta, i per això els ordinadors són digitals. Per això avui ho estem digitalitzant tot: la informació, el so, fins i tot la imatge i la televisió, ...

Des de fa molts anys l'home s'auxilia de l' "exactitud" de la matemàtica –l'àlgebra elemental i la geometria euclídea– per a representar i/o predir els fenòmens materials. Des de fa uns 100 Any l'home ha hagut de desenvolupar l'àlgebra tensorial i la geometria diferencial (amb la topologia i els nombres reals inclosos) per a intentar abastar molts més fenòmens, com els darrerament descoberts per la física.

Però cal adonar-se que des de fa uns 4 000 000 000 Any (quatre mil milions d'anys) la vida, en la seva codificació genètica que la possibilita i la caracteritza, està utilitzant per a gestionar-se molts recursos que l'home considera "matemàtics": la Dualitat algebraica, la Successió algebraica exacta curta, els nombres sencers (positius o negatius), la Successió de FIBONACCI, ... i segurament molts d'altres que jo no conec o que encara no hem descobert.

¿Per què la Successió de FIBONACCI* està omnipresent en les característiques naturals? Perquè és de trivial generació per part d'uns fenòmens, els de la vida, que són experts en gestionar i generar estructuracions complexes a partir de simples seqüències. A la vista d'aquestes "habilitats" d'estructuració (per exemple les proteïnes ja comentades) i/o dinàmiques (creixement, activitat vital, ...), generar una successió de FIBONACCI és una trivialitat.

* 0, 1, 1, 2, 3, 5, 8, 13, 21, ..., $n_i = n_{i-1} + n_{i-2}$ (cada un és la suma dels dos immediats anteriors)

Les estructuracions histològiques, amb la Successió algebraica exacta curta i altres, són una altra mostra d'aplicació d'aquestes "facultats" matemàtiques, inherents al codi genètic. Veure la Memòria "in extenso" ... patent "WO2003054835A2" o l'Annex "Estratègies constructives d'algunes estructures de complexament".

Arribats aquí, si només amb el suport dels nombres sencers i els sistemes simbòlics la vida ha tingut prou per a assolir un grau tan extraordinari de diversitat i complexitat, ¿per què la vida hauria d'emprar els **relliscosos** nombres reals?

L'exactitud és, més aviat, una servitud de les limitacions dels recursos de representació emprats per l'home. No una excel·lència d'aquesta representació. Així doncs, tot el contrari del que semblava.

Com exemple d'aquesta servitud tenim les "Integrals". Qualsevol article científic, per a ser considerat com a tal, cal que incorpori alguna integral, quan més complexa i críptica, millor. Però com estudia un batxiller, les integrals són processos diferencials d'aproximació, és a dir, mitjançant aproximacions el més petites possible. Veurem (a l' "Arbre de PORFIRI") que això també ho sap fer el llenguatge des de fa molts més anys.

Reflexió sobre els Instints i la seva "exactitud"

Llevat que renequem de la definició unànimement acceptada d' "Instint" (=comportaments heretats genèticament), si l'acceptem, la conseqüència obvia és que en algun lloc del genoma han d'estar codificats aquests comportaments.

Si a un cocodrill, a un tauró o a una simple piranya*, afamats, els apropem el braç, podem tenir la certitud, l'exactitud, que ens faran un bon mossec. Es tracta d'un comportament molt complex, que posa en joc moltíssims altres comportaments components més simples, però que no falla mai.

* No poso exemples de mamífers, perquè en aquesta classe filogenètica, als instints també cal afegir la cultura (imprompta, impregnació, alletament, criança, ..., fins a l'educació en l'home), una informació que no és genètica sinó que adquirida, i que pot interferir/ reprimir a la informació genètica.

Avui s'intenten associar determinats comportaments a l'activitat de determinades parts del cervell o del sistema nerviós en general. Dit sigui de pas, una aspiració bastant irrellevant (veure a la **carta a LESHNER, "Science", "¿Brain or Psyche? We have to solve the "versatility" first"**). Si encara estem estudiant això anterior, associar un comportament complex com un instint a determinades seqüències del genoma i explicar la seva acció, encara és avui un repte fins i tot implantejable.

Avui ja són coneguts els efectes de les seqüències de codons en la síntesi proteica de les cèl·lules, fins a nivells prou alts de complexitat i estructuració (estructura quaternària, ...). L'investigació avança,

sortosament, molt de pressa, però dels coneixements actuals a plantejar-se la identificació detallada dels instints dins del genoma, hi ha encara un llarg camí.

No obstant aquesta distància és possible fer plantejaments raonables a manera de drecera. L'estructura simbòlica (+M, +S) de la informació genètica (això és una obvietat, perquè la informació és simbòlica per definició, però no sempre se n'és conscient) **pot plantejar la possibilitat de funcionalitats anàlogues a d'altres sistemes simbòlics coneguts** (com per exemple, **els del coneixement**).

¿És possible que hi hagi operacions externes en el codi genètic? És a dir, que a part de les operacions intrínseques associades a l'estructura arbrada (les seqüències contínues de codons que permeten l'agrupació progressiva en nivells estructurals), podrien plantejar-se operacions entre segments/ seqüències disjunctes de codons de l'ARN/ ADN. Com si hi haguessin "**relacions**" implícites entre aquests segments.

Com que dos conceptes relacionats no són cap altra cosa que un coneixement, anàlogament tindríem "coneixements" en l'àmbit dels codons i no només la seva funció dual (en interpretació algebraica) de gestió/ catalització de síntesi proteica.

Més encara, podríem suposar coneixements compostos, és a dir, seqüències que controlessin coordinadament a d'altres seqüències. En tal cas s'incrementaria encara més la informació continguda en el codi genètic.

Informació com la dels instints, podrien funcionar amb aquest tipus d'operacions, perquè per llarg que sigui el codi genètic, cal suposar a un Instint una integració brutal d'informació, **no assolible fàcilment amb simples processos seqüencials**.

No hauria de sorprendre aquest plantejament si s'entén un altra qüestió prèvia, la "**Transferència d'elements metodològics entre nivells estructurals**" (veure-la). Segons això, les habilitats (una habilitat és una execució automatitzada d'un determinat procediment/ mètode) es transfereixen i s'adapten a noves aplicacions compatibles. Raonant a l'inrevés, si la psique té una determinada facultat és fàcil que derivi d'una funcionalitat prèvia, per exemple genètica o proteica.

Diguem d'altra banda que la situació seria similar a la del "**Sistema conceptual**", on per raó del Metadada que comporta, amb molt poca informació entrada es generen nombrosos coneixements. La petita servitud d'entrar les dades d'acord els requeriments del Metadades, implica aquest important valor afegit a la informació que s'ha entrat.

Finalment cal dir que aquestes operacions permetrien dotar al codi genètic, si més no, d'estructures de grups algebraics*, creant un vincle amb els fenòmens quàntics (on intervé necessàriament la teoria de grups algebraics) que reforçaria la importància i necessitat d'una semiologia intrínseca.

* I potser, estructures més complexes.

Psique. Manca d'informació, no d'exactitud

El cas de la psicologia suposa el greuge comparatiu més gran. Si un sol arbre és com una civilització, perquè és tot un ecosistema amb moltíssims éssers vius, vius o morts (R. MARGALEF) ¿què cal dir d'un animal com l'home? ¿i de la seva psique? Dins la psique, a la complexitat dels instints –que s'incorporen íntegrament dins la psique conjuntament amb altra informació genètica i proteica per processos encara no coneguts– s'afegeixen les informacions generades a partir dels sentits.

En primer lloc, la comunitat científica encara ignora –i pitjor, sembla no preocupar-li– com s'estructura la psique, tot això que també li diem "ment" i sovint confonem amb el cervell. La "ment" inclou els instints, els sentits, els sentiments, la conscienciació (veure "**¿Què és la conscienciació?**"), el pensament, ...* Per això no s'és conscient de la complexitat que resulta d'aquesta estructuració, i sobretot de les prolífiques interrelacions que s'estableixen, relacions que a més a més **es conserven mitjançant les diferents memòries** i per tant **s'acumulen****.

* Veure per exemple "**La construcció del pensament i del llenguatge**", o la Memòria "in extenso" corresponent a la patent "**WO2003054835A2**".

** Un sistema físic ni guarda ni té en compte el que pugui haver passat en estats precedents, viu "al dia". Cal dir, però, que l'aigua podria ser una honrosa i significativa excepció (Veure la **carta a CAMPBELL, "Nature"**)

En segon lloc, tampoc s'és conscient de la seva **versatilitat** (veure a la **carta a LESHNER, "Science", "¿Brain or Psyche? We have to solve the "versatility" first"**, ja esmentat), una característica que no havia assolit cap altra sistema natural.

Entès això, s'evitaria la ignorància de parlar de ciències exactes i no exactes aplicant-ho a la psicologia. La ment d'un sol individu pot ser tan complexa com bona part de l'Univers. Portem molts anys –i per part de moltíssimes persones– escodrinyant i estudiant l'Univers, però encara sabem ben poc d'ell. Per la mateixa regla de tres, no podem pretendre conèixer a fons un individu perquè el poden estudiar poques persones i, malauradament, se'ns mor en pocs anys.

Aclarit lo anterior, imaginem que poguéssim disposar d'una pel·lícula de qualsevol persona –no caldria que fos molt llarga– amb una selecció dels seus moments més intensos, emotivament, des que va ser concebut (no només des que va néixer). Amb aquesta informació "privilegiada", qualsevol psicoanalista expert ens podria anar explicant les raons del seus comportaments i/o el que farà davant opcions futures.

Dic "privilegiada" perquè una de les característiques de la ment humana és –com reacció d'autodefensa– intentar oblidar allò que el traumatitza, pel que difícilment un mateix ho explica. Tot al contrari, s'amaga. Amb tantes interaccions acumulades (en la memòria inconscient, que no es recorda conscientment però actua igualment) i a sobre amb manca d'aquesta informació, el fracàs de la predicció és inevitable.

El problema no està en la manca d'exactitud sinó que en la manca d'informació.

I en lloc d'entendre aquesta extraordinària complexitat de la ment humana (i d'alguns altres animals), com avui el que està de moda és la genètica, es busquen gens assassins, gens homosexuals, ..., gens de qualsevol comportament estrictament cultural/ social. Una manera fàcil d'eludir responsabilitats socials i culturals.

El Món a l'inrevés

Els físics, i el biòlegs, haurien d'aprendre a llegir. Llegir doblement, en les dos interpretacions diferents que explico tot seguit.

1) La primera s'aclareix molt bé amb l'exemple de com comencen a llegir els nens. Si un nen veu un anunci de la "Coca-cola" i se li pronuncia aquest nom, aviat sabrà dir "Coca-cola" cada vegada que el vegi. I això amb tants logotips com volem. Però no llegeixen "c" + "o" = "co" i "c" + "a" = "ca" i després "co" + "ca" = "coca", etc. Simplement identifiquen el logotip complet amb el so complet. El nen identifica de manera natural, intuïtiva. La identificació és el nivell "0" (= "zero", nivell "trivial" o "previ") del pensament humà, una facultat existent des de fa centenars de milions d'anys, amb l'aparició dels artròpodes.

Però assolir la progressiva construcció i comprensió de lletres, paraules i frases, suposa un nivell superior de convenis culturals*, que el nen aprèn progressivament i laboriosament a casa, a l'escola**. Jo encara tinc records de com em va costar.

* Veure a **"L'estructura del pensament i del coneixement", "Jean François CHAMPOLLION" [2162]**

** No s'ha de caure aquí en la confusió dels lingüistes sobre la "transparència" (veure a "Tríptic", la primera part sobre **el llibre de DEACON**). La transparència "jeroglífica" és desplaçada per la intuïtivitat que aporta la compatibilitat semiològica de les construccions lingüístiques.

Aquesta situació, extrapolada, ens pot servir pels adults, per exemple en àmbits científics específics. Aquí ja no tenim lletres sinó que una col·lecció dels conceptes habituals de l'àmbit, en lloc de síl·labes tindrem proposicions de primer ordre, en lloc de paraules tindrem raonaments, ..., tot el que amb les estrictes normes formals de les revistes, conformen els corresponents logotips que identifiquen a cada àmbit científic.

Els articles científics d'un àmbit específic, com per exemple d'una revista, són com un logotip, amb diferents grandàries, fons i colors, però si fa o no fa tots els articles són, en el fons, iguals. Així són fàcils d'identificar pels usuaris, com pertanyents a la col·lecció i en conseqüència homologables per l'àmbit científic al que correspon. O al contrari, són rebutjats si no són identificables als logotips, a les formes.

Una hàbil denúncia d'aquesta realitat es deu a **Alan D. SOKAL** amb un article sense contingut, absurd, però que va aconseguir publicar a la prestigiosa revista dels USA "Social text" (avril 1996, "Transgresser les fronteres: vers une herméneutique transformatrice de la gravitation quantique"). Posteriorment amb **Jean**

BRICMONT van publicar el llibre "Les impostures intel·lectuals", d'obligada lectura. No sorprèn doncs, l'agressivitat amb que va ser censurat l'enginyós parany del primer i el repicó del llibre d'ambdós.

A l'inrevés, per profund i transcendent que sigui el contingut d'un escrit, si canviem les formes, si canviem el logotip, l'escrit es rebutja perquè no s'identifica i perquè tampoc se sap llegir, no se sap "construir llenguatge".

¿Què és "construir llenguatge"? És entendre com s'estructura. És llegir, però llegir entenent aquesta estructura, no com un analfabet funcional que només identifica i repeteix. Primer cal entendre el concepte. Després, entendre el concepte compost que resulta de combinar-lo amb un altre, un concepte compost i emergent, diferent als dos conceptes components. Concepte compost que pertany a un nivell superior de complexitat respecte del nivell dels conceptes components. I així successivament.

"Construir llenguatge" suposa un esforç molt superior a la simple identificació, identificació que correspon al coneixement enumeratiu, un grau de coneixement molt baix i que caracteritza l'eruditisme, un coneixement de poca qualitat relacional però que –una vegada, ens uns quants anys, es memoritzen suficients "logotips"– és suficient per a moure's en un àmbit restringit, on tot acaba éssent previsible.

En un àmbit específic pot ser que no calgui, però per a entrar en l'àmbit de la interdisciplinarietat, de la globalitat, és imprescindible saber llegir i a més a més, cal la relacionabilitat per a poder establir la necessària transversabilitat cognitiva. En l'àmbit de la globalitat, en l'àmbit de la interdisciplinarietat, la riquesa de les possibilitats es multipliquen i la previsibilitat desapareix. Les formes són insuficients –fins i tot enganyoses– i cal necessàriament de criteris i d'expertitud en la gestió del mètode, el quart i darrer nivell del pensament assolit per l'home.

2) Per a sortir del bosc que avui no el deixa veure prou, el físic s'hauria d'oblidar un temps dels recursos de l'anàlisi matemàtica, i substituir/ reconvertir la topologia per la semiologia intrínseca. ¿Per què? Perquè més a baix d'un cert nivell –sembla inequívocament que és el nivell quàntic– ja no es pot calcular, no té justificació calcular. Cal "llegir".

¿En quin idioma? Això és el que cal descobrir!! ¿Quin idioma encripta la proliferació d'estats quàntics? No ho sabem, però ha d'haver algun idioma, tal com ja ho avançava a "Indeterminisme". Cal ser conscients d'això.

Els biòlegs haurien de deixar de tenir enveja de l'exactitud de la física. És a l'inrevés: els biòlegs ja tenen l'exactitud intrínseca del codi genètic. Són els físics els que han de trobar en els fenòmens quàntics un nou "Codi quàntic", anàleg al codi genètic de la biologia, o anàleg al més versàtil codi del llenguatge que gestiona la nostra psique.

Tal com els biòlegs van perdre 50 Any (del 1902 amb SUTTON, fins al 1953 amb WATSON i CRICK*), potser succeeixi avui el mateix amb els físics: que avui són ells els que estan perdent un temps preciós. Els biòlegs van menysprear el llenguatge perquè no sabien llegir, ni per tan sols plantejar-se que calia llegir en lloc de mesurar i calcular: "una molècula tan avorrida no pot suportar el misteri de la vida" referint-se a l'ARN/ ADN.

* Veure **Annex "Les reticències científiques als sistemes simbòlics"**.

Una successió de lletres, siguin les 4 de les bases carbonades de l'ARN/ADN

CCUCCCCACCGCCUCCCCACCGAAAAAGAAAAAGAAAAAGAGAAGCAAAAAGGUUGUCGUAGUG

o de les 27 de l'alfabet,

n[huget- e_s un porc- no(e_s un senyor=

són certament del tot **avorrides** ... llevat que les seqüències s'intentin **estructurar** segons els corresponents **llenguatges interpretables**:

CCUCCCCACCGCCUCCCCACCGAAAAAGAAAAAGAAAAAGAGAAGCAAAAAGGUUGUCGUAGUG
CCU CCC CCA CCG CCU CCC CCA CCG AAA AAG AAA AAG AAA AAG AGA AGC AAA AAG GUU GUC GUA GUG
* ⁻¹ (Prolina) * ⁻¹ (Prolina) * ⁻¹ (Lisina) * ⁻¹ (Lisina) * ⁻¹ (Lisina) * ⁻¹ (Arginina) * ⁻¹ (Lisina) * ⁻¹ (Valina)
* ⁻¹ (Antígen T de SV40) (* ⁻¹ és l'invers del "Star operator")

"N'Huget és un porc, no és un Senyor!!", o !a l'inrevés!: "N'Huget, és un porc? No!!, és un Senyor."

Seria totalment absurd –mal interpretant GALILEI– posar-se a mesurar la grandària de les lletres o fer estadístiques sobre les lletres més repetides.

La potència de la genètica està en **saber llegir**, no en identificar per a fer estadístiques sobre probabilitats d'adquirir determinades malalties. Fer estadística és renunciar a l'exactitud intrínseca que aporta l'ARN/ ADN. La Biologia molecular, la Genòmica estructural, ... s'han d'entendre com parts de la Semiologia intrínseca i la Semàntica intrínseca (Semiologia genètica, Semàntica genètica).

Avui els físics tampoc s'han plantejat llegir. La "teoria que no ens podem ni imaginar" d' **Anthony J. LEGGETT (El País, 2005-06-18)**, no és numèrica sinó que "lingüística", és a dir, simbòlica. Per això encara no s'imagina*.

* La informació de l'ARN/ ADN és seqüencial i per tant unidimensional. L'escriptura també, el que és independent que fraccionem la seqüència i la col·loquem un tros a sota de l'altra per a encabir-la en pàgines superficials. Però això no vol dir que el proposat codi quàntic també hagi de ser seqüencial. Podria ser bidimensional, tridimensional, ... el que en tal cas faria més difícil el seu descobriment.

Aquests simbolismes quàntics que cal trobar en el bosc de les dades experimentals –ones, estats, ..., partícules, interaccions, ...– és previsiblement el llenguatge en el que s'expressen les normes del comportament material més bàsic, les seves "Lleis" en interpretació de "la manera de fer el procés", i no només restringir-se a saber calcular alguns valors dels efectes.

Aquets simbolismes quàntics, integrats amb els genètics, els hormonal (=signes moleculars), els proteics-hormonal, i els psíquics, conformen l' "**Hipòtesi holística**", en base a la Semiologia intrínseca, que s'ha comentat en diverses referències d'aquest escrit.

¿On és la diferència, que genera l'equívoc de l'exactitud?

No podem comparar una ciència d'elements simples i/o individuals amb una altra ciència sobre lo col·lectiu. No podem comparar una ciència enfocada a lo macroscòpic amb una altra ciència fixada en lo microscòpic. No es pot pretendre exigir als complexos organismes vius, o a la psique, el que no s'exigeix a la física.

Sembla clar, doncs, que això de l'exactitud és un parany, una frase feta. Es fan comparacions no equitatives, amb condicions diferents en un o en un altre cas. En la mesura que s'igualen les condicions de complexitat, canvia la falsa percepció inicial sobre l'exactitud o la inexactitud, i les diferències s'esvaeixen.

L'exactitud o la inexactitud no és una característica d' una ciència globalment, ni física, ni química, ni biologia, ni mèdica, ni psicològica, ni ... sinó que d'unes determinades característiques conjunturals que poden donar-se en qualsevol ciència. La diferència rau en l'enfocament amb que es tracta, rau en qüestions extrínseques no objectives.

Exactitud conceptual

L'exactitud és un tema tabú per a la lingüística, com un sacrilegi. D'entrada cal dir que els literats tenen segregat el llenguatge i la comunicació, perquè una cosa és la literatura o la poesia, una de les moltes expressions artístiques de l'home, i una altra la comunicació, un fenomen que està a la base de qualsevol cultura. Seria impensable que els pintors ens obliguessin a escriure només segons determinats estils i tècniques gràfiques, però això mateix s'accepta dels lingüistes i escriptors.

Com ja s'ha dit, el Codi genètic descriu el mateix procediment perquè l'executa ell mateix, no es tracta d'una representació numèrica més o menys exacta dels efectes. A la vegada, per l'experiència que li donen quasi 4 000 milions d'Any de reeixida existència, s'ha estructurat amb certesa/ exactitud total. Per a tenir conceptes amb garanties de permanència –tal com succeeix a la vida des de fa els esmentats 4 000 milions d'Any*– caldria que construïssim els conceptes d'una manera tal que garantissin per si mateixos la seva exactitud/ univocitat (i no haver-la de garantir contínuament segons els efectes, segons que dos persones comprovin que entenen el mateix o, a l'inrevés, que parlen de coses diferents**).

* Situacions com aquesta originen la necessitat d'afegir una tercera característica per a classificar els Sistemes, la seva estabilitat natural o no ($\pm N$), com si parléssim de "sostenibilitat". Aquesta característica s'ha d'adjuntar a les altres dos, de materialitat o no ($\pm M$), de simbolicitat o no ($\pm S$), el que dona vuit tipus de sistemes possibles ($\pm M$, $\pm S$, $\pm N$). Veure "[Sistemes](#)" a l'[Annex](#) corresponent.

** Cal començar constatant què, sorprenentment, la lingüística no s'ha preocupat mai de disposar de recursos amb els que poder comparar si dos persones tenen el mateix contingut conceptual associat a un mateix mot ("desambiguació"). Tot al contrari, l'ambigüitat es valora positivament i fins i tot s'estudia com mèrit (veure [cartes](#) a O. JACOB i W. ISER).

Assolir aquesta exactitud ho va intentar WITTGENSTEIN (1889-1951) fa menys de 100 Any, un dels filòsofs de referència del segle passat. No va reeixir perquè va intentar-ho des de la filosofia i la lingüística, en lloc d'intentar-ho des de la psicologia i la matemàtica. Curiosament, per allò de que "Qui no les pot haver diu que són verdes" ("Le renard et les raisins" de Jean de la FONTAINE), WITTGENSTEIN va donar un gir de 180 graus afirmant que era impossible (el que es coneix com el "segon" WITTGENSTEIN).

Possiblement això hagi refermat encara més aquest greu i nefast equívoc cultural.

No es tracta d'enterrar les lletres i substituir-les per números –que per la seva ignorància és el que imaginem els lingüistes quan se'ls proposen conceptes exactes– sinó que "Cal pel llenguatge, no recursos matemàtics concrets, però si la metodologia bàsica subjacent que ha possibilitat el desenvolupament de tota la ciència, i de la matemàtica." (veure l' "[Introducció](#)" a "[Tríptic](#)")

Demagògia

Un altra parany del llenguatge és la demagògia. Resulta del fet, obvi, que si bé podem fer qualsevol combinacions de mots, això no vol dir que sempre resulti un element compost, estrictament parlant*. També podríem intentar ajuntar dos electrons, però mai resultarà res més que un intent inútil. El llenguatge no respecta aquesta realitat, i s'accepta qualsevol combinació per absurda que sigui: és la demagògia, un greu anacronisme cultural a corregir. A la demagògia existeix el signe lingüístic –tal com existeix qualsevol dibuix que puguem fer– però el signe està buit de contingut conceptual**. Ja s'han exposat dos exemples molt habituals a la ciència: "Realitat virtual" i "Teories del caos". També es pot afegir un altra freqüent: "Intel·ligència emocional". I molts d'altres. El parany de [SOKAL](#) ens mostra la facilitat amb que es pot fer demagògia fins i tot en àmbits científics. És degut a la deficient conceptualització (anacronisme dels diccionaris actuals) i la manca de coneixement de com estructurem** el pensament i el llenguatge.

* No sempre hi ha "emergència", en aquest cas emergència conceptual, tal com tampoc és possible l'existència d'un electró doble o triple.

** El "ciment" d'aquestes estructures virtuals és la relacionabilitat. ¿Coneix el lector que la relacionabilitat formi part del currículum escolar? ¿Coneix el lector alguna llicenciatura o càtedra universitària on s' estudiï aquesta facultat humana, com a tal? La relacionabilitat és un dels grans forats negres de la nostra cultura (i un altra és la fenomenologia).

Polisèmia

La polisèmia és un altra parany que no solament no respecta el llenguatge sinó que fins i tot és fomentat i sacramentalitzat per la lingüística. No hi ha precedents de gestió de la polisèmia en el codi genètic, tot al contrari, els prions constaten la seva inconveniència amb les ESET (Encefalopaties Subagudes Espongiformes Transmissibles, com la de les vaques boges). Així que no hauria d'estranyar que el nostre pensament sigui

incapaç de gestionar la polisèmia*, i que les polisèmies estiguin en l'arrel de quasi totes les disfuncions pensamentals**. A qui li sorprengui, cal saber que les polisèmies també estan a l'arrel de gairebé tots els acudits. Sense polisèmies no hi hauria acudits. Amb polisèmies no hi ha pensament. No és qüestió de prescindir del pensament ni dels acudits, !ni parlar-ne!, sinó de posar cada cosa al seu lloc.

* Per allò de la "Transferibilitat d'elements metodològics entre nivells estructurals", ja comentada.

** Tal com avui seria impensable a la química parlar exclusivament amb l'adjectiu "material" en lloc d'especificar si és "orbital" o "atòmic" o "molecular" o "solvent/ solut" o ..., en el futur caldrà distingir clarament entre "sensitiu", "impressiu", "perceptiu", "sentimentatiu", "conscient", "pensamental", ..., i també en els seus possibles sots-nivells.

Llenguatge i Matemàtica

És il·lustratiu fer una comparació entre l'evolució i el desenvolupament del llenguatge i de la matemàtica en els darrers 2000 Any.

És clar que, entre els clàssics, el llenguatge estava tan evolucionat com l'actual. És freqüent dir que tota la literatura ja la van escriure els grecs i que avui només repetim, canviant els noms dels protagonistes.

És tot el contrari del cas de la matemàtica que d'un estat precari en la cultura clàssica (Egipte, Grècia, orient) i un clar estancament de gairebé 2000 Any, s'ha desenvolupat espectacularment en menys de 200 Any.

Aquest esclat s'ha de vincular a l'acceptació social i ús generalitzat del sistema numèric decimal, un dels molts possibles "Sistemes numèrics posicionals". Estrictament, els sistemes numèrics posicionals no són imprescindibles per a moltes parts de la matemàtica. No obstant això, per raons de compatibilitat semiològica –concepte que competeix a la semiologia intrínseca– i pel "Principi zero de la psicologia i la pedagogia" –que també ens faria sortir del guió d'aquest escrit– sense els sistemes numèrics posicionals la percepció numèrica de l'home és tan extraordinàriament limitada (!a només mitja dotzena d'elements!) que impossibilitaria a la pràctica el construir directament una estructura tan complexa, interrelacionada i potent com la matemàtica.

Aquest esclat de la matemàtica s'ha manifestat amb el gran desenvolupament de l'àlgebra i de la geometria, l'estat actual de les quals seria totalment impensable per a qualsevol matemàtic clàssic que ressuscités. També a la topologia, perquè aquesta branca matemàtica era pràcticament inexistente en l'època clàssica i es pot dir que apareix subrogadament amb la introducció del nombre real.

Al contrari de l'espectacular desenvolupament en els darrers 200 Any d'aquestes tres branques –els tres* pilars de la matemàtica actual–, la lògica segueix condemnada a l'ostracisme, i més si es té en compte que a diferència de les anteriors, ha estat permanentment estudiada des de molts àmbits, com la lingüística, la filosofia i/o la informàtica.

* "Anàlisi matemàtica" és un concepte de definició convinguda arbitràriament que combina les tres branques anteriors.

La matemàtica, i els matemàtics, han estat estretament vinculats al desenvolupament de tota la informàtica. De fet LEIBNITZ (1646-1716) !ja fa més de tres-cents anys! ja va estudiar el sistema numèric posicional binari, la base del funcionament i de la programació informàtica, el que vol dir que entenia plenament la importància de la posició i la seva interpretabilitat, és a dir, la **característica simbòlica inherent** als sistemes numèrics posicionals.

En els anys 70' Alain COLMENAUER i Philippe ROUSELL van crear el "ProLog" (=PROgramation LOGique), un llenguatge de programació avançada que va obrir grans expectatives a la dita "Intel·ligència artificial" ("IA"), anunciada per a l'any 1992. L'estrepitós fracàs de la "IA" va arrossegar al "ProLog", perquè d'altra manera no s'entén el seu oblit actual.

¿Perquè d'aquest reiterat fracàs de desenvolupar –i encara pitjor– d'aplicar la lògica? Doncs per una qüestió tan bàsica com sorprenent que no s'hagi tingut en compte. Tal com sense prou números "exactes" –naturals, sencers, racionals, reals, algebraics o transcendents– no es va poder desenvolupar l'àlgebra, la geometria ni la topologia, és lògic que amb l'ambigua base dels equivocs mots del nostre llenguatge*, l'àmbit d'aplicació de la lògica sigui pràcticament nul i ple d'esgotadors paranys (paradoxes, ...)**.

* "Petites diferències en les condicions inicials engendren diferències molt grans en els efectes resultants, i el mínim error en identificar les primeres ocasiona un enorme error en identificar les darreres" (Henry POINCARÉ, "Science et Méthodes" 1908).

** Des de la perspectiva que permet el coneixement de les estructures del pensament i la semàntica intrínseca, les paradoxes, com la de RICHARD o com la de RUSELL, són plantejaments analfabets i polisèmics, i no problemes

estrictament matemàtics. Fins i tot es pot afirmar que plantejar el que podria dir-se "Sistemes auto-generables" és un embolic innecessari –com mirar-se el melic–, tan innecessari com perdre el temps en haver d'aclarir la seva impossibilitat amb un Teorema (el de la no-decisionabilitat de GÖDEL [= "un-entscheid-bare"]). L'existència del Sistema conceptual, per si sol, posa en evidència l'absurditat de tots aquets plantejaments. Sorpren que HILBERT no tingués en compta l'aportació de DARWIN, o en altra cas, que abordés plantejaments creacionistes.

La importància del teorema de GÖDEL no és demostrar la impossibilitat del "formalisme" perquè com s'ha dit és una obvietat partint del coneixement de l'evolució de les facultats psíquiques humanes. Si alguna aplicació útil pot tenir el teorema de GÖDEL és més aviat a l'inrevés: demostrar –per a qualsevol que encara no conegui la semàntica intrínseca– que qualsevol concepte s'ha de definir en funció d'altres conceptes previs i ben definits. És a dir, ve a demostrar la necessitat d'un sistema conceptual estructurador del coneixement.

Sense aplicació pràctica difícilment hi ha sensitivitat, i sense base sensitiva adient, el pensament no pot funcionar correctament ("Principi Zero" de la psicologia i la pedagogia)*. **La matemàtica té límits, com qualsevol altra ciència****. I, encara que no agradi, els seus límits els posa la psicologia***.

* Matemàtica i Psicologia han estat, des de sempre, dos disciplines gens solidàries entre elles, gairebé enemigues. La ignorància de l'aportació psicològica de BOOLE –tant o més important que la matemàtica– és una prova. Així li ha anat, tan a la matemàtica amb la lògica com a la psicologia amb l'anomenada ciència del coneixement. Tot això ha passat perquè encara s'ignora que hi ha un nexa intrínsec entre ambdues, nexa que és la Semàntica intrínseca.

** Inclosa la medicina, límit que va establir FREUD i que de retruc també suposa els límits per a d'altres ciències, però això és una altra qüestió.

*** Però a l'inrevés, el Sistema conceptual, la Semàntica intrínseca i la Lògica amb conceptes exactes també permeten estendre la matemàtica més enllà del que avui es creu possible "...car nous ne considérons comme scientifiques que les phénomènes qu'elles permettent d'expliquer!" (Benoît MANDELBROT).

Possiblement la programació lògica va ser arrossegada pels errors del seu principal valedor, la dita "Intel·ligència artificial". El primer criteri de l'actual paradigma de l'enginyeria del programari (software) és que qualsevol procés d'informatització ha de començar per tenir ben definit el "què" volem informatitzar. Un criteri del més elemental sentit comú. Però tot i així, mils de programadors i científics –amb els subsegüents recursos econòmics i institucionals esmerçats– van estar intentant informatitzar durant els anys 80' un concepte que ningú va preocupar-se ni tan sols en definir*: la intel·ligència. S'entén doncs el sonat fracàs del 1992, i que per a dissimular-lo s'hagi canviat el significat d' "Intel·ligència", entenent-se avui en l'àmbit informàtic com simples automatismes, una facultat que no té res a veure amb la intel·ligència, tot al contrari, perquè els automatismes són una facultat del tot comuna, tant, que estan presents en tots els éssers vius des de fa gairebé 4 000 milions d'anys.

* És el que Jaume BALMES va formular amb el criteri "Defineix i no discutiràs" fa cent anys.

Tractant-se de la comunitat científica, sorprèn encara més aquesta realitat històrica. I pel que es pot veure tot seguit, històricament tampoc hi ha gaire justificació d'aquest error.

L'Arbre de PORFIRI (232-304), un precoç antecedent lingüístic de la Successió de CAUCHY i de la topologia.

1 500 Any abans del desenvolupament de la topologia matemàtica a partir, entre d'altres, de la Successió de CAUCHY, la lingüística va ignorar el seu equivalent lingüístic i premonitori: l'arbre de PORFIRI*.

* Això porta a una altra constatació, la dificultat de l'aprenentatge de la matemàtica. Aquesta dificultat rau entre d'altres motius a la ignorància de que molts conceptes matemàtics són intuïtius i a més a més estan implícits en el llenguatge, però s'aprenen com entitats abstractes i alienes a l'individu.

L'arbre de PORFIRI no és una successió de CAUCHY sinó un arbre o raim amb moltes d'aquestes successions. Està format per successions en forma d'arbre o raim tal que qualsevol successió d'ell que considerem, compleix que cada element-concepte afegeix una abstracció a les abstraccions de l'anterior concepte, disminuint en conseqüència l'extensió de la realitat o existencialitat que representa. Tal com en determinades condicions la successió de CAUCHY acaba tenint límit en un número, les successions de l'arbre de PORFIRI convergeixen en conceptes inequívocs. Un procés d'aproximació tampoc gens diferent de la diferenciació o la integració vista a "Nombres sencers i nombres reals".

Si al recurs de l'arbre de PORFIRI afegim la "Successió algebraica exacta curta"* –un altre recurs matemàtic recent, però que el llenguatge utilitza implícitament des de fa més de 2000 Any i la vida des de fa molts milions d'anys– ja tenim gairebé tot el que fa falta per a construir conceptes exactes. No es tracta doncs de no haver-ho pogut fer, sinó de no haver-ho intentat correctament.

* Veure per exemple la Memòria "in extenso" corresponent a la patent "WO2003054835A2".

Com la falla de la muntanya inaccessible: va ser inaccessible només perquè ningú ho havia intentat, fins que un –que no sabia de la seva inaccessibilitat– va pujar-la, amb la sorpresa de tots.

Si a més a més definim una metodologia d'estructuració simbòlica, compatible amb les funcions de gestió psico-motriu, a mig camí de la complexitat del codi genètic i de la monotonia dels sistemes numèrics posicionals (veure l'Annex "Estratègies constructives d'algunes estructures de complexament"), podrem tenir degudament ubicats tants conceptes exactes com vulguem, tants com números puguem imaginar. A partir d'aquí, amb:

- l'establiment de les correctes condicions inicials (la "Partició intrínseca"),
- l'afegit algebraic de les operacions: de BOOLE, "piagetianes", moltes altres més, ..., les autoaplicacions, els procediments exactes lògics de raonament, ... (veure Memòria "in extenso" ... patent "WO2003054835A2") i
- l'afegit geomètric de la relacionabilitat* (dualitat, l'espai dual, canvis de base, ...),

apareix el "Sistema conceptual" o "Sistema cognitiu", una estructura exacta que és intrínseca des de la perspectiva de les facultats de la psique humana.

* Cal insistir en el que s'ha dit a la part de la "Demagògia" sobre la relacionabilitat.

És una estructura tan exacta com ho poden ser els sistemes numèrics posicionals, només que puguem construir tants "decimals" –és a dir, tantes particions conceptuals– com decimals necessitem per a aproximar-nos a un número fraccionari o un de real. D'una altra manera, si hem de limitar els "decimals" conceptuals a dos quatre o sis "decimals", seria fer trampa, seria un greuge comparatiu. Tot i això, cal saber que fins i tot els conceptes més "abstractes" que emprem actualment, difícilment superen una dotzena de "decimals", és a dir, una dotzena d' "abstraccions", moltíssims menys decimals que el centenar de decimals que ja coneixem del número "pi":

$$\pi \approx 3.1415926535897932384626433832795028841971693993751058209749445923078164062862089986280348253421170679$$

número que per a evitar equívocs caldria escriure

$$\pi \approx 3. \overset{10}{1} \overset{10}{4} \overset{10}{1} \overset{10}{5} \overset{10}{9} \overset{10}{2} \overset{10}{6} \overset{10}{5} \dots$$

per a indicar que està escrit en el sistema decimal, atès que un ordinador el gestiona en el sistema binari amb l'expressió:

$$\pi \approx 1_2 1_2 \cdot 0_2 0_2 1_2 0_2 1_2 0_2 0_2 \quad (\text{si el lector vol més decimals, que s'entretengui ell, o agafi una calculadora})$$

impossible d'identificar a simple vista amb el seu equivalent anterior (3.14159..., expressat en base 10), llevat que fem el càlcul d'equivalència.

Serveixin tres exemples de successions en tres casos ben diferents, un concepte tangible i visible ("Sedan-Coupé" de dotze "decimals"), un altra visible no tangible ("Rosa", el color, de deu "decimals") i un altre ni tangible ni visible, molt elaborat i "abstracte" ("Element nilpotent", de tretze "decimals"):

"Matèria" → "Objecte" (=Substància amb Forma i/o Estructura) → "Objecte artificial" → "Enginy" → "Vehicle" → "Vehicle terrestre" → "Vehicle terrestre amb Rodes" → "Automòbil direccionable" → "Automòbil direccionable amb Rodes paral·leles a cada Eix" → "Cotxe automòbil" (... per a Transport de Persones) → "Coupé" (... d'una sola porta a cada costat) → "Sedan-Coupé" (... amb 2 fileres de seients), concepte que es podria representar amb el codi alfanumèric:

$$0.0_0 4_1 0_0 0_0 0_0 0_0 0_0 0_0 1_1$$

"Fenomen" → "Fenomen pre-material" → "Energia" → "Radiació" → "Radiació electromagnètica" → "Espectre (de la R. e.)" → "Llum (=R. e. visible)" → "Color (=Interval espectral de la Llum)" → "Vermell" → "Rosa", concepte que es podria representar amb el codi alfanumèric:

$$0.1_0 0_1 0_0 1_0 0_1 0_0 2_0 0_0 0_0$$

"Conceptuació amb virtualitat" → "Mètode" (=quart nivell pensamental) → "Mètode genèric" → "Representació" → "Representació simbòlica" → "Repre. matemàtica" → "Repre. algebraica" → "Estructura algebraica" → "Estructura algebraica amb dos operacions" → "Anell algebraic" → "Ideal" → "Ideal NilRadical" → "Element nilpotent", concepte que es podria representar amb el codi alfanumèric:

$$0.2_1 3_0 0_0 0_0 0_0 0_0 0_1 0_0 0_1 0_0$$

on els diferents colors de les fletxes i dels corresponents subíndexs (verd, vermell i blau) indiquen diferents tipologies de partició. Notem que tot i no disposar d'informació sobre els "subíndexs", és a dir, sobre els critèris de la partició que generen les noves abstraccions (els complements dels "Kernels"), la mateixa successió ens porta inequívocament a la definició del concepte. Si a més a més disposem de la informació dels criteris de partició, qualsevol persona tindrà un coneixement aproximat fins i tot de conceptes tan "abstractes" com "Element nilpotent", el podrà ubicar respecte dels conceptes que ja coneix, saber els coneixements simples que li manquen per a conèixer-lo, i on els pot trobar.

A l'inrevés, si el lector se'l troba i vol saber què és, probablement no el trobarà al diccionari, ni sabrà a quin diccionari específic trobar-lo, o en quins llibres ho pot intentar trobar. I si finalment el troba, possiblement es quedarà igual que abans, llevat deduir que és quelcom relatiu a l'àlgebra, perquè està en un llibre d'àlgebra.

En el cas del color "Rosa" no caldria ni dir que és un color perquè la mateixa successió ja trenca la polisèmia amb la flor "Rosa", desambigua automàticament, trenca la polisèmia*. Notem també la intervenció del "Fenomen pre-material" en la segona jerarquia, és a dir, la fenomenologia prèvia a la "Materialització de l'Univers"** i que el genera. No tindria justificació fer-ho d'una altra manera, fins i tot encara que la "Hipòtesi holística" ja comentada no fos certa.

* Degut a una simple polisèmia entre científics, una sonda interplanetària costossíssima com la "Mars Climate Observer", de 125 M\$, va estavellar-se el 1999-09-23.

** He dit "Materialització de l'univers", no "Origen de l'univers", una expressió incorrecta i creacionista.

Evitat el problema plantejat per POINCARÉ –el dels petits errors a l'inici*–, llavors, a partir de l'espai cognitiu es pot seguir amb total garantia un il·limitat procés de complexament, de coneixements simples en coneixements progressivament més compostos i/o raonaments (la matemàtica n'és un exemple). D'aquesta manera el Sistema conceptual esdevé un prolífic sistema de sistemes, sempre conservant les seves característiques d'accessibilitat/ recuperació.

* És equivalent al criteri de Jaume BALMES ja comentat, "Defineix i no discutiràs". Cal afegir que és un criteri tanmateix implícit a la matemàtica, amb l'excepció de la lògica actual que no el respecta.

Conclusió

Tal com els sistemes numèrics posicionals han possibilitat l'actual desenvolupament tecnològic, científic i econòmic, l'ús del "Sistema conceptual intrínsec i exacta" és **imprescindible per a optimitzar el pensament humà, la cultura, la comunicació o la lògica. I per a marginar la demagògia***.

* En tots els àmbits, incloses les paradoxes que avui encara contempla, inútilment, la matemàtica.

La formulació del sistema conceptual des de la semiologia intrínseca* i la semàntica intrínseca** obre la porta a la formulació de la **Ciència universal** que va intuir LEIBNITZ i més anteriorment LLULL.

* Disciplina que interseca tots els fenòmens "+S", en els que en el futur podria incloure's la Mecànica quàntica.

** El nexa intrínsec, ja esmentat, de la psicologia i la matemàtica.

Hi ha opinions per a tots els gustos –les opinions són intrínsecament extrínseques– però **la realitat històrica dels fets –i els greus errors culturals i científics que constaten– són els que són, com tots els anteriorment exposats.**

CUC Darrera revisió: 2007-03-10

DUALITAT I DUALITAT ALGEBRAICA

En els Diccionaris trobem definicions de "Dualitat" com "Dos i contrastats". Un exemple tradicional de dualitat son els extrems dins una mateixa cosa: bó \leftrightarrow dolent; inici \leftrightarrow fi; ... Però encara podem trobar una dualitat molt més contrastada entre dos coses contrarrelacionades de dos nivells diferents, on el contrast està en que:

- una cosa és un element, i
- l'altre és una de les possibles dinàmiques que mana sobre l'evolució d'elements com l'anterior.

És a dir, aquesta dualitat màxima s'estableix entre:

- les coses i
- les correspondències entre les coses,

d'una manera comprensiva/ no arbitrària.

L'àmbit de la Matemàtica fou el primer en tractar aquesta dualitat, dient-se "Dualitat algebraica", però veurem a continuació que és un concepte intuïtiu, i no només restringible a la Matemàtica.

La Matemàtica el defineix com l'establiment d'una correspondència (representada per les fletxes vermelles) entre els Números/ Punts i les Funcions. Un possible exemple seria:

Números/ Punts:

Funcions:

Igualtat	Doble	Triple			n vegades	
$1 \rightarrow 1$	$1 \rightarrow 2$	$1 \rightarrow 3$			$1 \rightarrow n$	
$2 \rightarrow 2$	$2 \rightarrow 4$	$2 \rightarrow 6$			$2 \rightarrow 2n$	
$3 \rightarrow 3$	$3 \rightarrow 6$	$3 \rightarrow 9$			$3 \rightarrow 3n$	
....	
$n \rightarrow n$	$n \rightarrow 2n$	$n \rightarrow 3n$			$n \rightarrow n^2$	

És a dir, la Identitat (una correspondència) és un dels possibles duals del número "1" (un Número), el Doble (altre correspondència) és un dels possibles duals del número "2" (altre Número), ..., etc etc etc.

Es diu "**Pas al dual**" a qualsevol correspondència comprensiva/ no arbitrària entre:

els Números (de l'enomenat "Espai base") $\xrightarrow{\star}$ les Funcions (de l'enomenat "Espai dual")

NOTA: Abreujadament, en Matemàtica, al conjunt $\{1, 2, 3, 4, \dots, n, \dots\}$ se li diu "Espai base" (que generalitzant, està format per Elements, Punts o Números), i al conjunt de les correspondències {Identitat, Doble, ..., n vegades, ...} se li diu "Espai dual" (que generalitzant, està format per les Funcions).

Amb exemples com aquest, veiem que la Dualitat algebraica pot ser un concepte comprensible per a tothom, tot i que s'explica només a meitat del currículum d'unes poques llicenciatures universitàries, per aplicar-se a la Geometria algebraica i a la Geometria diferencial (amb el nom d' "Operador estel"/ "Star operator", representat pel signe " \star ").

Ara veurem les "Dualitats algebraiques" més intuïtives. La primera Dualitat algebraica, i que inconscientment/intuïtivament l'ha inspirat, és la **Dualitat Materia** \leftrightarrow **Fenòmen** (els Fenòmens determinen l'evolució i l'estat de la materia). Altres exemples de Dualitat algebraica que gestiona l'Home, des de molt abans de ser formalitzada per la Matemàtica, són:

- els verbs, tans **vells** com el parlar: estat \rightarrow estar; camí \rightarrow caminar (dualitat abordada des de fa 400 anys per la cinemàtica); ...
- el manar/ organitzar als altres, tan **vell** com l'esclavitud
- l'interés econòmic, que determina el guany, tan **vell** com l'usura
- el cos i la psique, la primera "dualitat algebraica" científica, descoberta per FREUD fa quasi 100 anys (abans de formalitzar-se per part de la Matemàtica, i molt abans de l'aparició de la Genètica).
- els Codons, tan **vells** com la Vida, però acceptats des de només fa 50 anys (la seqüència de bases gestiona la síntesis d'altres molècules totalment diferents, les proteïnes, bé que amb analogies estructurals)
- el hardware i el software.

ESTRATEGIES CONSTRUCTIVES (=METODOLOGIES) D'ALGUNES ESTRUCTURES DE COMPLEXAMENT

	Exclusivitat de la Base	Variabilitat del Criteri de la Base*	Número de Fills	Tipus de Fills
Codificació genètica	Exclusiva	Criteris variables , previsiblement en Funció de les "disponibilitats" moleculars	Variables: a Vegades fixos (=3 en el Nivell 1 dels Codons), a Vegades variables (=1, 2, 3 o 4 en el Nivell 2 de la Primera Agrupació de Codons; ...)	Diferents o no (possibilitat de repetició , per exemple en el Nivell 3, en l' "Antigen T de SV40")
Estructuració muscular	Exclusiva	Criteris variables , previsiblement en Funció de les "disponibilitats" moleculars i cel·lulars	Variables i volubles segons el Nivell: uns 1000, 2, uns 500, uns 60, uns 6, uns 60, uns 24.	Sempre iguals (totes les Sarcòmeres són iguals, totes les MioFibretes són iguals, ...)
Nervi	Exclusiva	variables (com en l' "Estructuració muscular")	Variables i volubles segons el Nivell	Sempre iguals
Estructuració òssia	Exclusiva	variables (com en l' "Estructuració muscular")	Variables i volubles segons el Nivell	Quasi iguals (petites diferències només de Forma)
Sistemes numèrics posicionals	Exclusiva (només una, i a més a més, fixa)	Criteri fix (o 2, o 6, o 8, o 10, ..., però sempre el mateix)	Fixos (i coincidents amb el valor de la Base: 2, 6, 8, 10, ...)	Tots diferents entre ells (0, 1, 2, 3, ... en el cas de Base 10), inductius (+1)
Sistemes conceptuals exactes	No exclusiva* (pot haver més d'un/a "Padrastrre"/ "Família d'Hermanastres"), i en conseqüència amb Herència múltiple	Totalment variable (qualsevol Concepte pot ser Criteri/ "Padrastrre")	Totalment variables (entre 1 i molts). Hi ha dependència entre el n° de fills i les possibilitats de diversificació del Criteri/ Padrastrre***.	Sempre disjunts semànticament (=diferents), però contigus (connexes i compactes)

FONT: C. UDINA 1996 i següents

* NOTA: El Criteri de la Base (que fa anar de lo genèric a lo específic) és la **perspectiva inversa** de la Interacció evolutiva del Complexament (que crea Elements més complexes partint dels Elements previs simples).

** NOTA: Un arbre amb una Base no exclusiva, seria equivalent a un Arbre amb una Base exclusiva però doblant les Jerarquies, mitjançant una Jerarquia intermèdia amb els diferents Padrastres (veure PatMemo2.Doc, Figura 9).

*** NOTA: Si el Criteri fos el Color de l' Arc de St. Martí, resulten tants fills com Colors diferents conté l' Arc (7 en aquest cas).

Els complexaments psíquics, per a poder gestionar:

- casos com alguns dels anteriors (excepte la Codificació genètica, que és prèvia i independent),
- i a més a més molts d'ells simultàniament (per exemple, en la psicomotricitat),

han de tenir estratègies com a mínim iguals o més complexes que les estratègies de qualsevol cas anterior (No exclusivitat, Variabilitat, ...).

SISTEMES

Un Sistema és un Conjunt d' Elements interrelacionats segons:

- Els Elements del Sistema tenen diverses característiques valorables/ medibles, que poden variar amb el temps. Aquests valors, en un moment determinat, reben el nom d'Estats de l'Element en el moment determinat.
- La interrelació entre els Elements és que els Estats d'un Element depenen dels Estats d'altres Elements (és a dir, els canvis dels Estats d'un Element no són arbitraris, sinó que influencien els Estats dels altres Elements).

Hi ha tres característiques bàsiques dels sistemes:

- si són materials (+M) o no (-M)
- si són simbòlics (+S) o no (-S)
- si tenen estabilitat natural (+N) o no (-N)

que combinant les tres característiques donen vuit possibilitats. Si només en fixem en les dos primeres (materialitat i simbolicitat) només tenim quatre possibilitats diferents. En els exemples es diferencia la tercera característica de disposar d'estabilitat natural o no.

(+M, -S, *) Sistemes materials tradicionals (no simbòlics). Són els Sistemes estudiats per la Ciència tradicional (Física, Química, Biologia, ..., Tecnologia, ...). Exemples:

- Àtoms, Molècules, Estructures cristal·lines, Substàncies, Univers, ..., Teixits orgànics, Òrgans orgànics, Aparells orgànics, ..., (+M, -S, +N)
- Objectes artificials (per exemple un Ordinador sense els programes), ... (+M, -S, -N)

(+M, +S, *) Sistemes simbòlics a suport material. Exemples:

- Codificació genètica (des de la síntesi de proteïnes fins a la transmissió d'instints), Hormones, Comunicació olfactiva (Feromones), ..., Societats d'Organismes (Eixam, Formiguer, Corall, ...), Expressió corporal, (+M, +S, +N)
- Ballet, Mim, ..., Societats humanes, ... (+M, +S, -N)

(-M, +S, *) Sistemes simbòlics a suport simbòlic. Exemples:

- Codificació neurològica (desconeguda), Memòria, Somnis, Pensament, ..., Sistemes numèrics posicionals, Sistema conceptual intrínsec, ... (-M, +S, +N)
- Llenguatges humans convinguts (Gramàtica i Sintaxi), ..., Programari (=Software), ..., Economia (Sistemes econòmics), Dret (Sistemes legislatius), (-M, +S, -N)

(-M, -S, *) son Sistemes **impossibles**, perquè no podem estructurar-los com sistemes. És el cas del que concerneix a la Filosofia, a la Religió, a l' "Èsperit", ...

PROCESSOS DE COMPLEXAMENT

Anomenarem "Interaccions evolutives" a les freqüents interrelacions/ interaccions entre Elements que formen Elements **més complexos**, quan aquests nous Elements més complexos formen un nou Sistema, que és el resultat del complexament. És a dir, quan entre aquests nous Elements apareixen/ **emergeixen** noves interrelacions/ dependències, pròpies d'aquest nou Sistema.

Amb informació i coneixements adequats es conclueix que:

- tota la realitat i tot el que arriba a existir* **s'estructura en Sistemes;**
- a més a més, aquests Sistemes **s'han anat generant uns a partir d'altres més simples** segons els esmentats "**Processos de complexament**", formant una estructura d' "**Arbre de Sistemes**";
- qualsevol cosa que existeix (no una entelèquia) ha d'ésser:
 - **o bé un Element** d'algun d'aquests Sistemes,

- o bé una **Interacció** entre els Elements d'algun d'aquests Sistemes,
- o una combinació mental d'alguns dels anteriors.

* NOTA: La Existència és el conjunt de la Realitat (per exemple un Gat) i la Virtualitat (per exemple una Ordre per a complir). Realitat i Virtualitat són disjunts (una cosa no pot ser alhora real i virtual, així que noms com "Realitat virtual" no volen dir res).

SISTEMES SIMBÒLICS I INTERPRETABILITAT

Els Sistemes simbòlics (+S) es caracteritzen per la seva **interpretabilitat**, una característica inexistent en els Sistemes no simbòlics.

Tot i el que es dirà de les reticències històriques dels genetistes, avui, fins i tot en genètica se'n parla "del codó que **interpreta** a la proteïna ...". El codó, o les seves agrupacions, és un tros de matèria que en determinats moments s'erigeix en el controlador de la síntesis d'altres trossos de matèria, com són les proteïnes (fenomen de la "Dualització").

"Interpretació" **no vol dir que podem opinar el que vulguem** (aquest és el problema dels estudis de Sistemes simbòlics com el Dret, l'Economia, ..., on els simbolismes sovint es fixen arbitràriament i segons uns interessos sectorials). La Genètica no s'inventa els símbols ni les interpretacions: descobreix les que hi ha, i/o les que són útils i estables naturalment. En la PsicoAnàlisi, la Interpretació dels somnis és més difícil perquè el suport no són seqüències moleculars fixes sinó que vivències personals, i fins i tot signes culturals que varien d'un individu a un altre.

Sistemes materials no simbòlics versus Sistemes simbòlics (materials o no).

Els sistemes materials (+M, -S, *) han estat els exclusius dominis estudiats per la ciència/ tecnologia occidental, que té **serioses dificultats** en tractar els sistemes simbòlics, amb exemples com la psicoanàlisi i la psique (FREUD va encetar el descobriment de la Psique, el primer sistema simbòlic i a més a més no material, ja fa 100 anys, però sovint segueix qüestionat), l'acceptació de l'ADN com portador d'informació, l'actual situació de dispersió del "software", ...:

Si alterem l'ordre de la seqüència de codons, l'invent se'n va en orris, és a dir, apareix una "aberració cromosòmica". Si es perd un sol "bit" d'una seqüència d'un programa, l'ordinador es pot "caure". Al contrari, si en una biga o una paret fem un foradet, no passa res important (només s'afebleix una mica) perquè és un sistema material.

Els sistemes simbòlics marquen una **ruptura** respecte els no simbòlics, el que **no vol dir** que no puguin ser tan científics com els no simbòlics (només calen altres metodologies). Per exemple la genètica. Per exemple la ruptura entre la neurologia (que inclou com a restricció a la psiquiatria) i la psicologia, ruptura encara avui inacceptada per molts metges i part de la comunitat científica. Analogia entre "Cos - Psique" y "Hard - Soft".

La dicotomia Ciències - Lletres rau en la incapacitat d'haver trobat (per part de la ciència), i també de rebutjar (per part dels lingüistes), una formulació científica seriosa del llenguatge, què és un altre exemple de Sistema simbòlic.

La dicotomia Ciència/ tecnologia occidental - Saviesa oriental rau en la incapacitat de la ciència tradicional (material i no simbòlica) a afrontar els sistemes simbòlics, amb la seva "interpretabilitat" i "dualitat". La comprensió de l'Acupuntura o la Reflexologia podal requereix d'aquests conceptes i d'altres derivats com "reutilitzabilitat", "antiimatge", ...

Duplicabilitat, còpia exacta.

La característica* dels Sistemes simbòlics és la possibilitat de còpia exacta, la seva duplicabilitat, com l'ADN o com un programa informàtic. Una nevera o un cotxe no es poden duplicar un partint de l'anterior, es fan independentment partint d'uns materials comuns.

* Per definició, "característica" implica exclusivitat, és a dir, aquesta propietat només és dels Sistemes simbòlics, siguin (+M, +S, *) o (-M, +S, *), però no dels Sistemes no simbòlics, com els (+M, -S, *).

Identitat

La informació associada als Sistemes simbòlics junt amb l'anterior possibilitat de còpia, obre una altra característica: la identitat, una característica que es manté amb independència de que canviï o es renovi tota l'estructura material que acompanya als Sistemes simbòlics. De les molècules d'un nadó, poques queden quan mor anys després, però és la mateixa persona, l'identitat s'ha mantingut a tot el llarg de la vida. La identitat està determinada per la informació associada als sistemes simbòlics, no a l'estructura material de suport.

La identitat és una condició "sine qua non" per a l'existència de **Vida**. És com un **invariant geomètric** en les transformacions geomètriques, és a dir, és el que es manté independentment de la dinàmica que també caracteritza a la vida.

Per això, podem diferenciar entre els conceptes "Igualtat" i "Identitat" **només** en els éssers vius. En objectes reals (com una nevera o) i/o en elements virtuals (com un número o una idea), "Igualtat" i "Identitat" són conceptes indistingibles, es pot utilitzar correctament tan un com l'altra (sinonímia estricta).

Versatilitat

Els Sistemes simbòlics a suport simbòlic (-M, +S, *) tenen una característica afegida, impossible en els Sistemes simbòlics a suport material (+M, +S, *) (i més encara, en els Sistemes no simbòlics, com els (+M, -S, *)).

És la versatilitat, és a dir, la possibilitat de gestionar informacions diferents a les que els van generar, però només quan aquestes noves informacions són semiològicament compatibles amb la informació inicial.

Per exemple,

- la psique gestiona cinc sentits totalment diferents, els instints [transferits de manera compatible de l'ADN], la percepció, els sentiments, totes les diferents, memòries, ..., i finalment la consciència i el pensament. És evident que l'home no va evolucionar durant milions d'anys per a poder saber sumar o multiplicar en l'actualitat...
- els sistemes numèrics posicionals són tan extraordinàriament potents perquè són compatibles amb les metodologies de gestió dels músculs. Tota la matemàtica són recursos compatibles, gairebé "calcats", de les metodologies de gestió de la psicomotricitat.
- un ordinador permet gestionar **qualsevol** programa informàtic, sempre i quan es compleixin determinades característiques de compatibilitat.

METADADES

El Nucli del Sistema conceptual és un **MetaDades** perquè conté tota la Informació (Definicions exactes o Definicions "il·legals", Relacions, ...) sobre les Dades (=els Elements del Nucli, que són els Elements produïbles pel Pensament). A més a més és intrínsec perquè no té dades factuais/ conjunturals sinó que exclusivament de l'essència dels Conceptes.

Aquest Nucli/ MetaDades és a la Vegada una **AutoAplicació**:

- parcial, de les Relacions (una part dels Conceptes) als Conceptes, i
- global, dels Duals dels Conceptes als Conceptes*.

El "**Motor informàtic**" són els Procediments informatitzats que permeten generar/ obtenir la Informació sobre les Dades, i/o inferir Raonaments en base a les Dades ja existents per a obtenir nous Coneixements, que són incorporables al Nucli i/o estar implícits en ell. És a dir, el "Motor" és un MetaDades respecte del Nucli.

El "**Motor informàtic**", a més a més, incorpora dos AutoAplicacions (els Procediments exactes lògics [=les Relacions entre les Relacions] i les Operacions d'Operacions).

En conseqüència, el "Motor" és un MetaDades del MetaDades "Nucli", és a dir, un **MetaDades al quadrat** (i en conseqüència una nova **AutoAplicació***).

* NOTA: L'expressió de tres xifres "9 elevat a 9 elevat a 9" és una doble potenciació (una AutoAplicació d'una AutoAplicació). La seva potencia (valgui la redundància) és notable, doncs equival a "10 elevat a 10 elevat a 8", aproximadament, per a facilitar el càlcul mental. És a dir, deu elevat a 100 milions, un número amb 100 milions de zeros que en el sistema numèric decimal ocuparia 200 km de llarg (suposant 2 mm cada xifra). És un número molt més gran que el número de protons de l'Univers.

Dualitat i MetaDades

Un Pas al Dual comporta un MetaDades. Per exemple, en el cas ja vist (igualtat, doble, triple, ...):

els Números (de l'anomenat "Espai base") n $\xrightarrow{\quad * \quad}$ les Funcions (de l'anomenat "Espai dual")
 n $\xrightarrow{\quad}$ F_n tal que $F_n(x) = nx$

és clar que aquest Pas al dual determina no només les funcions resultants sinó que també el funcionament de totes i cadascuna de les funcions resultants.

LES RETICÈNCIES CIENTÍFIQUES ALS SISTEMES SIMBÒLICS

(Dades cronològiques de J. J. PERRIER i J. L. SERRE "Mundo científico" 1 996 gener, p. 164)

1 869 Friedrich MIESCHER ja va detectar el ADN en el nucli cel·lular.

1 902 Walter SUTTON proposa a la seva tesi doctoral, la "Teoria cromosòmica de l'herència" (és a dir, que els Cromosomes són els portadors dels caràcters hereditaris/ informació genètica), òbviament **sense cap èxit (com també li havia passat a l'austriac Johann Gregor MENDEL 1 822 - 1 884)**

1 910 Com les "creences" científiques anaven en altre direcció, tampoc es va tenir en compte els treballs de Thomas HUNT MORGAN, embrioleg, que va determinar que el color dels ulls d'una espècie de mosques el determinava el cromosoma "X" del sexe, o més en general que altres caràcters hereditaris també s'havien de suportar necessàriament en els cromosomes.

També el mateix any, Carl CORRENS (reivindicador de MENDEL) afegeix que hi ha *Gens* fora del nucli*, A la mateixa conclusió van arribar Boris EPHRUSSI i Piotr SLONIMSKY, 40 anys més tard (1 949).

* NOTA: en els cloroplasts i les mitocondries, que tenen genoma propi, si bé cal tenir present que estan construïdes per proteïnes importades del citoplasma, que a la vegada estan determinades per l'activitat nuclear. És una evidència de la "SimbioGenèsi" de la cèl·lula EuCariota, només postulada fa molts pocs anys per Lynn MARGULIS, que és una de les moltes **Interaccions evolutives** dels processos/ fenòmens de Complexament que structuren la Vida.

1 944 Oswald AVERY (Rockefeller Institute, New York) va concloure per un experiment amb el Bacteri Neumococo que "els Gens estan formats de ADN". Alfred HERSEY i Martha CHASE en el 1 953 ho van reiterar amb el BacteriFag (=Virus destructor de Bacteris).

1 953 Encara s'afirmava que "una molècula tan tonta (l'ADN) no pot contenir el secret de la vida" (veure també "Genética molecular humana" de Tom STRACHAN i Andrew P. READ, de BIOS Scientific Publisher). Òbviament l'únic "tonto", més aviat estúpid, era l'àmbit científic.

1 953 Els treballs de síntesi de WATSON i CRICK* van obligar a canviar aquesta actitud. Tenint en compte les evidències de tots els anteriors treballs, és a dir, **acceptant-los**, van posar-se a buscar el mecanisme que possibilités l'acció del ADN. Així, basant-se també en:

- els intensius treballs de Rosalind FRANKLIN* i Maurice WILKINS sobre les dades de la difracció del ADN amb RX;

- les conclusions de CHARGAFF (la coneguda "Regla de CHARGAFF") segons les quals les unitats de les quatre bases repetides/ presents en la macromol·lècula de l'ADN complien sempre:

$$T + C = A + G,$$

$$\text{amb } T = A \text{ i } C = G$$

$$\text{però amb } A + T \neq G + C$$

van establir la forma de doble hèlix del ADN (millor con una escala helicoidal amb uns graons, que es poden separar pel mig en dos semi escales com ho pot fer una cremallera), però sobretot la seva duplicació per aquesta possibilitat **d'obrir-se com una cremallera**.

* NOTA: Tot sembla indicar que el conjunt del descobriment es deu a Rosalind, a la que se li van copiar les seves conclusions sense que ho sabés, anticipant-se a que ella ho publiqués. El fet que fos dona i que morís prematurament va impedir aclarir aquests fets.

A partir d'aquí van aparèixer els treballs de correlacionar seqüències de les quatre bases de l'ADN (C, G, A, T) amb la síntesi de diverses proteïnes (l'Insulina fou la primera), mitjançant el concepte de "Codo". És a dir, aquí comença la "Genètica" com la **Semiologia* de la vida**, però amb un retard de 51 anys (1 953 - 1 902). És a dir, quasi **dos generacions de científics perdudes per un apriorisme "egocèntric"**.

* NOTA: Això suposa, entre d'altres evidències anàlogues, **l'existència d'una Semiologia intrínseca**, deslligada de les actuals arbitrarietats lingüístiques i dels autoanomenats "Semiolegs".

14 junio 2007

Los retos de la biomedicina

Los genes ya no son lo que eran

El estudio del genoma obliga a redefinir el concepto básico de la genética | Los científicos descubren que el funcionamiento del genoma es más complejo de lo que pensaban

Los científicos descifran el manual de instrucciones del genoma humano y descubren con sorpresa que no habían entendido cómo funciona. El avance afecta desde la medicina hasta la teoría de la evolución

Añadir comentario



Josep Corbella | 14/06/2007 | Actualizada a las 03:31h

En un estudio que echa por tierra la visión clásica de lo que es un gen, un consorcio científico internacional ha descubierto cómo funciona el genoma humano.

El trabajo acaba con la idea tradicional de que cada gen es como una isla dentro del genoma - una unidad de ADN de bordes bien definidos e independiente de otros genes- que tiene la función de fabricar una proteína. En su lugar, emerge una visión más compleja en que los genes están interrelacionados entre ellos; además, en la producción de las proteínas participan fragmentos de ADN que en ocasiones están muy alejados unos de otros dentro del genoma.

Igualmente importante, el trabajo acaba con la idea de que el 95% del genoma humano está formado por ADN basura - es la expresión que utilizaban los propios científicos- que no tiene ninguna actividad ni utilidad apreciables. La mayor sorpresa de la investigación ha sido descubrir que este 95% del genoma sí tiene una gran actividad: fabrica hebras de ARN (un material genético primo hermano del ADN) igual que hacen los genes. En cuanto a su utilidad, los científicos aún no saben cuál es.

"La comunidad científica va a tener que replantearse algunas visiones arraigadas sobre qué son y qué hacen los genes", declara en un comunicado Francis Collins, director del Instituto Nacional de Investigación del Genoma Humano de EE. UU., que ha impulsado la investigación. "Esto podría tener consecuencias importantes en los esfuerzos para identificar las secuencias de ADN involucradas en muchas enfermedades humanas".

La consecuencia más obvia es que "no podemos limitarnos a buscar alteraciones relacionadas con enfermedades en los genes que ya conocemos como hemos hecho hasta ahora", explicó ayer Roderic Guigó, bioinformático del Centre de Regulació Genòmica y uno de los diez investigadores principales del proyecto. A partir del momento en que se ha registrado actividad en las vastas regiones del genoma que se suponían inactivas, se abre la posibilidad de que las anomalías genéticas que originan numerosas enfermedades se encuentren en estas regiones. "Es algo que habrá que explorar en el futuro", señaló Guigó.



el Periódico.com / SOCIEDAD

Iden

PORTADA	OPINIÓN	INTERNACIONAL	POLÍTICA	SOCIEDAD	CATALUNYA	ECONOMÍA	TECNOLOGÍA
---------	---------	---------------	----------	----------	-----------	----------	------------

Portada > Sociedad

imprimir

enviar

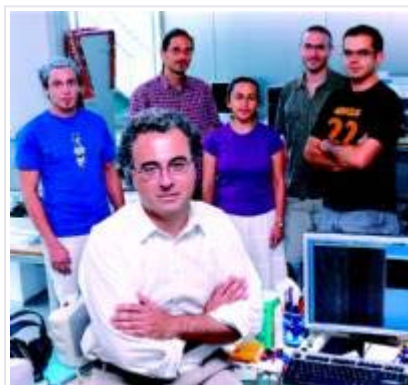
votar



14/6/2007 CIENCIA

El genoma humano es más complejo de lo que se creía

- Los genes están interrelacionados y el 'ADN basura', el 90% del total, no es tan inútil



Roderic Guigó (delante) y su equipo en el CRG de Barcelona, ayer. Foto: SERGIO LAINZ

ANTONIO MADRIDEJOS
BARCELONA

Ni los genes son elementos aislados, colocados de forma ordenada y separados por imaginarias fronteras, ni el mal llamado *ADN basura*, que representa más del 90% de las secuencias de nuestro genoma, es tan inútil como se creía.

Todo es mucho más complejo y difícil de sintetizar. Esta es la principal conclusión de un consorcio internacional que ha logrado descifrar tras cuatro años de trabajo el *manual de instrucciones* de una pequeña porción de toda la información disponible. Es únicamente un 1%, "pero ya da una idea de cómo van las cosas", resume el investigador catalán Roderic Guigó, uno de los participantes en el trabajo.

En el consorcio Encode (Encyclopedia of DNA Elements), el mayor proyecto de este ámbito tras la secuenciación del genoma humano, han participado 80 organizaciones, entre ellas el Centro de Regulación Genómica (CRG), la Universitat Pompeu Fabra (UPF) y el Instituto Municipal de Investigaciones Médicas (IMIM), los tres de Barcelona, así como el Centro de Investigaciones Oncológicas (CNIO), de Madrid. Los resultados se publican esta semana en las revistas *Nature* y *Genome Research*.

DE 470 A 30.000

En esencia, lo que han hecho los investigadores es analizar con detalle una porción de la información en bruto que surgió de la secuenciación del genoma humano, presentada en el 2003. No es un 1% lineal, sino 44 fragmentos procedentes de todos los cromosomas, precisa Guigó, bioinformático adscrito al CRG y el IMIM: "Hasta ahora se habían analizado genes concretos, pero no una porción tan grande del genoma". De las 44 partes, 14 fueron escogidas porque se sabía que en ellas había genes vinculados a determinadas enfermedades, pero las 30 restantes se tomaron al azar.

El trabajo ha elaborado un mapa de cómo son y dónde se encuentran los genes. En el 1% analizado se localizaron alrededor de 470, aunque no es un resultado extrapolable para determinar si en total hay, como se cree, entre 25.000 y 30.000 genes.

El estudio sostiene claramente que la información genética no se acaba en los genes: el ADN basura, secuencias duplicadas que parecían no tener utilidad alguna, tendrá que cambiar de nombre. "Hemos descubierto que muchas regiones son más activas de lo que pensábamos,

aunque aún desconocemos sus funciones exactas", dice Guigó. La otra gran sorpresa ha sido comprobar que las regiones donde se encuentran los genes están **interconectadas**, tanto que es difícil distinguir dónde empieza uno y acaba otro. **"Antes se pensaba que los genes se relacionaban como las cuentas de un collar, con fronteras claras, pero hemos visto que a veces no están separados, sino superpuestos, e incluso cuesta distinguirlos"**.

imprimir enviar votar  ← →

ENLACES PATROCINADOS

Préstamos F1 Banesto

Como quieras y donde quieras. Préstamo F1: rápido y al instante.

www.prestamof1banesto.com

ibanesto.com - Hipoteca Cero - Euribor +0%

Euribor +0% los 3 primeros meses y +0,35% el resto. Sin comisiones. Disfruta de las mayores ventajas solicitando tu hipoteca en i...

www.ibanesto.com

Imagine - Créditos personales de hasta 30.000€

Desde 3.000€ hasta 30.000€ para todo lo que imagine y en 24 horas. Con un bajo tipo de interés y con la garantía de...

www.imagine.es


CANALES		SERVICIOS		LOCALIZACIÓN
Barça	Viajar	Amor / amistad	El tiempo	Pág. Amarillas 
Inmobiliario	Fotografía	Vehículos de Ocasión	Cursos y másters	Pág. Blancas 
Salud	Informática	Loterías y apuestas	Para tu móvil	Callejero 
Mujer	Playstation2	Compras		
Clasificados	Bolsa			
Coches Ocasión				

OTROS SITIOS DEL GRUPO ZETA

El Periódico de Catalunya	El Periódico Extremadura	Ciudad de Alcoy Sport	PC PLus SuperJuegos	You Man
La Voz de Asturias	El Periòdic d'Andorra	Equipo Interviú	PlayStation Woman	AUTO <i>hebdo</i>
El Periódico de Aragón	Mediterráneo Córdoba	Tiempo de hoy	Primera Linea	Todo Rallyes Super AUTO
Viajar Cuore	General Risk Gráficas de Prensa	Red Aragón Red Córdoba		
Ediciones B	Diaria	Red Mediterráneo		
Zeta Gestión Medios	ISO	Windows Vista		
On pictures	Mortadelo y Filemón			

Enlaces Recomendados

Ofertas de hoteles | Hoteles | ¿Buscas hotel en España? | Casino Online-10a1casino.com | Dominios | Hoteles en Madrid | Hoteles en la playa | Apuestas fútbol – EURO BET.es | Traducciones | Oferta formativa | Formación a distancia | Cursos en Madrid | FC Barcelona tickets - Real Madrid tickets | Barcelona Information | Viajes | Apuestas deportivas 10a1.com | ¿Buscas piso? - Habitaclia.com | Despedidas Soltero - Soltera | Organización eventos y fiestas | Infoasturias | Hoteles en Barcelona | Apuestas deportes - Apuestas fútbol | Empleo | Arsenal Tickets Chelsea Tickets Premiership | Hoteles | Juegos Blackjack - Juegos Remigio | El Mundo del Motor | Pisos en alquiler | Casas Rurales | Anuncios gratis | Ofertas de Vuelos Baratos | Álbum Digital – Fotos | Cirugia Plastica-Adelgazar | Barcelona Hotel | Ofertas de empleo

Quiénes somos | Tarifas de Publicidad | Aviso Legal | Nuestros E-mails | Datos de la Web | La Botiga | Mapa Web | 

La investigación, en la que 80 organizaciones científicas han trabajado durante cuatro años y que ha contado hasta ahora con un presupuesto de 40 millones de dólares, fue impulsada por los Institutos Nacionales de la Salud (NIH) de EE. UU. una vez completado el proyecto Genoma en abril del 2003. El proyecto Genoma había facilitado la secuencia de los 3.000 millones de letras que forman el ADN humano, **pero faltaba aprender a leer estas letras para saber qué decían.**

Esta continuación fue bautizada como proyecto Encode - acrónimo inglés de enciclopedia de elementos de ADN- y su objetivo era identificar todas las partes del ADN humano que cumplen una función. Vista la magnitud del proyecto, no se trataba de averiguar cuál es esta función, sino sólo de precisar qué partes del genoma son activas. Aunque es un proyecto liderado y financiado por EE. UU., en él han participado equipos científicos de once países. "Encode es actualmente el proyecto de investigación más importante del mundo sobre el genoma humano", destaca Guigó.

Por ahora, se ha completado la fase piloto del proyecto, que se ha limitado a un 1% del genoma para comprobar que el objetivo era técnicamente viable y económicamente asequible. Los resultados obtenidos se presentan hoy en 29 artículos científicos en las revistas *Nature* y *Genome Research*. Una vez terminada la fase piloto, el instituto nacional del genoma de EE. UU. prevé lanzar en octubre una segunda fase del proyecto Encode que abarcará el 100% del ADN humano y que tendrá una duración de cuatro años.

El análisis del 1% del genoma, realizado en 44 regiones que incluyen 399 genes, ya basta para ver que **"el funcionamiento de nuestro ADN es mucho más complejo de lo que pensábamos"**, explicó ayer Xavier Estivill, genetista del CRG y coautor de la investigación. Uno de los hallazgos más desconcertantes es que, tras comparar las regiones del ADN humano analizadas con las de otras 23 especies de mamíferos, se ha observado que un gran número de regiones activas del genoma presentan grandes diferencias entre especies. Hasta ahora, los científicos habían supuesto que las regiones activas cumplen una función y que, como consecuencia, habrán variado poco a lo largo de la evolución y serán similares entre especies distintas.

"No sabemos aún cómo interpretar estos resultados", admite Roderic Guigó. "Una hipótesis es que estas regiones que varían tanto entre especies sean un motor de evolución biológica. Puede que, a partir de estas regiones que varían tanto porque tal vez no cumplen ninguna función relevante, puedan generarse al azar genes que sí sean importantes y que se conserven entre especies".



Clinica San Vicente

Centro de rehabilitación cerebral A la vanguardia de la investigación



Calidad de Servicio

Más de 1.900 odontólogos colegiados expertos en ti.

[Anuncios Goooooogle](#)

salud

Portada > Salud > Investigación médica

Tamaño del texto **a a a****Investigación médica**

Entrevista

Roderic Guigó, bioinformático de la Universidad Pompeu Fabra «En genética lo importante es quién y de qué modo va a decidir lo que es moralmente aceptable»



Roderic Guigó dirige el grupo de investigación bioinformática en la Universidad Pompeu Fabra de Barcelona

Enviar a otra persona

Imprimir

Va pasando el tiempo y sobre el genoma humano se ignora mucho más de lo que se conoce. A pesar de tener la secuencia descrita desde hace cinco años, todavía no se ha aclarado cuantos genes hay y, lo que es peor, se desconoce gran parte de la función de los ya descubiertos y de sus posibles interacciones. El problema, resume Roderic Guigó, es que disponemos de un montón de letras, pero aún no es posible formar todas las palabras ni mucho menos las frases del código genético. «Nos cuesta mucho leer el genoma humano», insiste. Guigó trabajó con Craig Venter en Celera Genomics y hoy es de los pocos científicos españoles que participa activamente en programas internacionales de secuenciación e identificación genómica. Su punto fuerte, desarrollado en su grupo de la Universidad Pompeu Fabra de Barcelona, es la puesta a punto de software para la identificación de genes, instrumento que le ha llevado a participar ahora del proyecto Encode, el más ambicioso de cuantos existen para leer nuestro código genético.

KIMA GANIVET | 20 de noviembre de 2006

Mucha gente esperaba que a estas alturas habría resultados tangibles sobre el genoma humano, pero no parece ser el caso. ¿Qué está ocurriendo?

Es verdad que al principio se generaron muchas expectativas, todos pensábamos que teniendo la secuencia del genoma descifrada avanzaríamos mucho más rápido, pero no ha sido así. Lo cierto es que pecamos de arrogancia, pero también lo es que empezamos a disponer de tecnología que nos permite explorarnos a nosotros mismos con un nivel de detalle sin precedentes.

Conocernos a nosotros mismos es justamente el gran objetivo que se persigue.

En efecto, pero estamos muy lejos aún de poder saber como somos. En cualquier caso, sí podemos afirmar que, por fin, estamos en el inicio del camino. Al menos, desde el punto de vista biológico. En los próximos años muchas incertidumbres podrán resolverse mejor, podremos saber como el ambiente y la genética juegan para determinar cómo somos y porque somos como somos. Es probable que no podamos resolverlo de forma objetiva, pero sí que vamos a poder plantearlo objetivamente.

¿Y ante esa posibilidad el científico siente cosquilleo o tal vez miedo?

Los científicos, en general, creemos que conocer mejor como es el mundo es positivo. Conocernos incluso mejor a nosotros mismos, es mucho mejor. Por razones médicas, pero también por otras muchas. El conocimiento es satisfactorio.

A pesar de todo.

Cuando lees los periódicos no

Prevencción de vida

Psicología y mental

Problemas d

Atención sai

Investigació

Noticias
Artículos
Reportajes
Entrevistas
Infografías

EN LA REVISTA
Salud
Psicología
Ver otras se

GUÍAS PRÁCTIC
Mayores
Salud y alin
Salud y dep
Sexo y salud
Ver otras gu

ESCUELAS DEL
Dejar de fu
Cuidar la es
Obesidad in
Ver otras es

Y ADEMÁS

- ▶ [El hombre y la mujer biónicos ya no son ficción](#) 15/11/2006
- ▶ [El lado oscuro de la memoria](#) 8/11/2006
- ▶ [Gordon McVie, Presidente del Instituto Europeo de Oncología de Milán, Italia](#) 6/11/2006
- ▶ [Hermanos terapéuticos](#) 31/10/2006
- ▶ [Jean-Luc Vanderheyden, Departamento de Iconografía Molecular, GE Healthcare. Londres, Reino Unido](#) 30/10/2006
- ▶ [Avances en el tratamiento de la artrosis](#) 25/10/2006

Boletín de Salud

Suscríbete

Anuncios Google

Institut Català de Salut.
Trabaja como funcionario.
Infórmate sin compromiso
www.institutaccess.com

Mejora la Respiración
Powerbreath potencia tu
respiracion y mejora la
salud y calidad de vida
www.biolaster.com

Curso Serie Diane Lee
Reconocida Investigadora
En Exclusiva para
Fisioterapeutas
www.akrostudio.com

BelairSystem
Tecnologías para zonas de
Fumadores Calidad y
Diseño +INFO 902 111
041
www.belairsystem.es

Tratamiento de encías
Tratamiento 100% natural
Reeduca el sistema
inmunológico
www.sensistop.es

¿Por qué CONSUMER.es EROSKI
incluye publicidad?

sabes exactamente en qué dirección avanza el mundo, si evolucionamos en positivo o si por el contrario estamos en fase de regresión. Pero hay un aspecto en el que claramente se avanza: en el conocimiento científico y tecnológico. Cada vez sabemos más y entendemos que nos queda mucho por entender. Y cada vez más, al mismo tiempo, somos capaces de controlar los factores de nuestro entorno. Hay un progreso claro.

«Estamos aprendiendo a leer el genoma, a formar palabras y frases con los 3.000 millones de pares de letras de nuestro código»

Pero a menor velocidad de la prevista. ¿No se habrán metido en un laberinto?

No es una línea recta. Y hay muchas idas y vueltas. Pero la dirección es la buena. Tal vez la estrategia para llegar a cada punto deba redefinirse, pero vamos a donde debemos.

Una de las fórmulas para llegar a puerto es el proyecto Encode. ¿Cómo anda?

El proyecto Encode, financiado por los Institutos Nacionales de Salud (NIH) de Estados Unidos, es uno de los más importantes en este momento en genómica. Tenemos la secuencia del genoma y queremos saber qué hay en ella, cómo leerla. Como no tenemos ni idea, desde los NIH se escogió un 1% de la secuencia. En ese porcentaje se han probado las distintas herramientas para leer el genoma. En primer lugar, para ver las regiones funcionales. Llevamos ya tres años.

¿Con qué resultado?

Estaba definida como fase piloto, es decir, un punto a partir del cual abordar el resto. Pero se está viendo que es muy complejo incluso ese 1%. La biología es más complicada de lo que creíamos. De ahí que ahora estemos en una extensión de esa parte del proyecto. Dicho de otro modo, dado que ya tenemos las letras, se trata de agruparlas en palabras y frases. Y nos está costando mucho. De momento se trata de definir las partes funcionales, los dominios que hay que leer.

¿Y hay sorpresas?

Pues sí. Estamos viendo cosas inesperadas como el *splicing*, el plegamiento de proteínas, el mundo del ARN. A medida que vamos avanzando no solo no llegamos a puerto sino que vemos que estamos más lejos de lo que habíamos calculado. El objetivo continúa siendo algo borroso, pero eso es fruto de la arrogancia humana. Pensábamos que conocíamos mucho del genoma y de cómo su secuencia codifica, pero resulta que no.

Lo mismo está ocurriendo en otros campos fronterizos de la nueva medicina. Nunca acaba de suceder lo que se anuncia profusamente en los medios.

Nuestra ignorancia, aunque a veces disfrazada de arrogancia, es honesta. Cuando se publicó la secuencia del genoma creíamos que íbamos a ir más deprisa. Y han pasado ya cinco años y todavía no sabemos cuantos genes hay. Por otra parte, es cierto que como todo lo que estamos haciendo es muy caro, se busca su impacto en los medios y en la sociedad, lo que hace generar expectativas. Y no faltan los egos.

«El conocimiento actual permite empezar a definir las características biológicas de nuestros hijos, y eso entraña nuevas responsabilidades morales»

¿Y los recursos?

También, y de eso debe ser consciente la sociedad. Dedicamos a la ciencia, en los países más avanzados, del 2% al 3% del esfuerzo de una nación. Y en el en este campo de la nueva medicina no creo que supere el 0,5% del PIB de las naciones más avanzadas. Es un esfuerzo pequeño en términos relativos. Tal vez algún día lleguemos a la conclusión de que conviene hacer menos carreteras, o invertir menos en ejército o en policía o en tener una segunda residencia, e invertir más en ciencia.

En el fondo, según dice, es una cuestión de prioridades.

Pues sí. Y es la sociedad la que decide. Los recursos son los que son, y aunque parezcan grandes, son finitos. Si la sociedad decide que hay que tener dos o tres coches por familia y una segunda residencia en lugar de destinar parte de su dinero a investigar en biomedicina u otras áreas, es su decisión.

Será porque lo que cuenta es lo tangible y los resultados inmediatos.

Sí, y lo entiendo. Pero hay que ser conscientes que el esfuerzo que cuesta construir una carretera implica formar a ingenieros, técnicos y emplear un montón de recursos. Es la sociedad la que decide en qué dirección nos movemos. Los avances en ciencia, y en todos los campos, dependen de la inteligencia. Cuanta más gente pongas a pensar más avanzaremos. Y cuantos más recursos metamos para que estas ideas se plasmen en cosas reales, mejor que mejor.

Mal lo pinta porque, además, hay quien pone objeciones morales al avance. Ahí está el caso de las células madre.

De entrada, resulta imposible poner límites a la curiosidad de las personas. Por otra parte, el dinero que empleamos los investigadores que estamos en el sector público procede de los impuestos que pagan los ciudadanos. Si los ciudadanos no quieren que se investigue en una determinada dirección, por muy equivocado que nos pueda parecer, difícilmente podrá hacerse de otro modo.

En la era de la globalización eso parece misión imposible.

A mí también me lo parece. Pero lo cierto es que en la defensa de la vida humana se tiende a extremos que, a mí entender, rozan lo ridículo. Entender que una célula es equivalente a una persona me parece excesivo. Y más si tenemos en cuenta que investigar en este campo puede llevar en un tiempo a mejorar la calidad de vida de millones de personas.

Quizás la solución sea llegar a acuerdos para explicar, ni que sea de forma artificiosa, procesos naturales. Por ejemplo, ¿puede la ciencia explicar cuando empieza efectivamente la vida?

Hay quien considera que la vida empieza cuando el óvulo es fecundado por el espermatozoide y se forma el núcleo con las condiciones genómicas de padre y madre. Tal vez sea el único punto en el que el antes y el después se diferencia claramente, algo que no ocurre durante el embarazo. Pero una vez oí que, aunque eso sea cierto, a la hora de dar valor moral a las cosas nadie duda de que matar a una ballena para comérsela sea más grave que cortar un roble de 300 años. Y todo el mundo sabe que no es lo mismo para los padres un aborto al mes que a los nueve meses o la muerte del niño a los tres años. Moralmente tampoco es lo mismo.

Tal vez dependa de la finalidad. Si de lo que se trata es de prevenir o curar una enfermedad mortal, nadie suele cuestionar la manipulación genética.

Es muy complicado. Para curar el cáncer, en efecto, nadie pone reparos. El caso es decidir dónde situamos el límite entre las necesidades individuales y las colectivas.

Se están viendo genes asociados a la depresión o a la adicción. Es posible que se decida no pasar de ahí, es decir, no manipular genes de conducta o de la felicidad.

No hace falta ir tan lejos. Imaginemos que tienes un hijo con un coeficiente de inteligencia bajo y que puedes modificarlo mediante una alteración genética. ¿Qué haces? En el fondo estás permitiendo a los padres escoger como van a ser sus hijos, algo que hasta ahora no era posible. Decidir las características biológicas de los hijos entraña un paquete de responsabilidades nuevas.

¿Cree que está empezando a pasar con el conocimiento disponible?

De algún modo sí. Ya se seleccionan embriones sin enfermedades específicas o que puedan actuar como posibles hermanos terapéuticos. También es posible seleccionar el sexo. Tal vez sea una forma más sofisticada y civilizada de escoger como queremos que sean nuestros hijos.

¿Inquietante?

Nos da más poder y más responsabilidad. Tenemos mayor capacidad para

decidir, saber cómo serán nuestros hijos dejará de ser una lotería. Pero también hay que ser realistas. Antes se apartaba o eliminaba a los enfermos mentales. En algunos casos, ahora ya lo estamos haciendo a través del diagnóstico prenatal. El índice de niños nacidos con Síndrome de Down ha caído en picado. ¿Es negativo o positivo? Lo que sabemos es que, simplemente, no llegan a nacer.

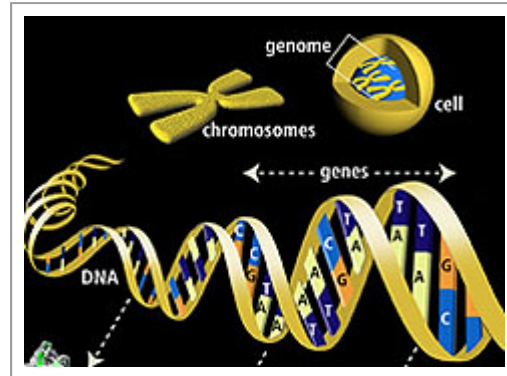
¿Lo llamaría prevención genética?

Pues sí, evitamos que ocurra algo. El caso es decidir quien tiene el control. En una sociedad plenamente democrática cabe confiar en que las cosas no irán nunca en una dirección demasiado extrema. Me siento optimista.

↳ LA VARIABILIDAD IMPENSADA DEL GENOMA

En 2001, cuando las revistas *Science* y *Nature* publicaron simultáneamente los primeros borradores del genoma humano, la primera obtenida por un sector privado rampante capitaneado por Craig Venter y la segunda de la mano del sector público, con Francis Collins a la cabeza, se

anunciaron incontables avances médicos que iban a surgir del conocimiento de los genes. Cinco años después todavía se especula sobre el número de genes y todo un mundo oculto de información al principio está empezando a aflorar.



Sin ir más lejos, el que cuenta las diferencias existentes entre las personas. Según un extenso estudio publicado por *Nature* por un consorcio de investigadores británicos, canadienses, españoles, estadounidenses y japoneses, la diferencia podría rondar los 20 millones de nucleótidos entre una persona y otra. Ni más ni menos que diez veces más lo pensado hasta ahora. El trabajo viene a evidenciar que no hay una secuencia única para el genoma humano, sino varias, y que las diferencias se agrupan en unas 1.400 regiones distintas de nuestro código genético.

Otros muchos trabajos, algunos de ellos de referencia, han situado la diferencia entre el código humano y el de algunos animales en un minúsculo 1% al 12%. Desde el ratón al chimpancé, pasando por el pollo, la vaca o el cerdo. Las diferencias crecen a medida que se separan los árboles filogenéticos en cada especie. Pese a ello, y a la diferencia de genes que pueda tener cada una de ellas, el porcentaje de similitudes y equivalencias entre buena parte de los seres vivos continúa siendo asombrosamente alto.

CORRESPONDÈNCIA AMB D. BUENO SOBRE R. GUIGÓ I F. COLLINS

Assumpte: Re: Informació URGENT!!

De: DAVID BUENO I TORRENS <dbueno@ub.edu>

Data: Thu, 14 Jun 2007 08:22:36 +0100

A: "UDINA i COBO, Carles" <carles.udina@cat21.cat>

Carles,

ja sé qui era el de TV3. Ara haig de marxar pitant a veure patir un centenar d'alumnes fent la prova de Selectivitat precisament de Biologia.

T'escric més tard (o demà al matí).

David

Assumpte: Mercés

De: carles.udina@cat21.cat

Data: Fri, 15 Jun 2007 11:03:52 +0200

A: dbueno@ub.edu

Benvolgut David:

Mercés pels teus correus de primera hora i la informació més tard, tot i l'examen.

Podia haver estat una molt bona coincidència, però malauradament em vaig desinflar a l'obtenir informació més detallada. T'ho explico al detall per a justificar-te la meva excitació d'ahir.

Ahir nit vaig arribar a escoltar la notícia però no els seus detalls. Les notícies de premsa, que amb la teva informació he trobat al moment, m'ho va confirmar:

"La comunidad científica va a tener que replantearse algunas visiones arraigadas sobre qué son y qué hacen los genes" (Francis COLLINS, referenciat a "La Vanguardia" 2007-06-14).

A "L' exactitud..." trobaràs (p. 7):

"Els físics, i el biòlegs, haurien d'aprendre a llegir. Llegir doblement, en les dos interpretacions diferents que explico tot seguit."

Més a baix, a La Vanguardia, el Roderic diu:

"no podemos limitarnos a buscar alteraciones relacionadas con enfermedades en los genes que ya conocemos, como hemos hecho hasta ahora"

A "L' exactitud..." poso (p. 9):

"La potència de la genètica està en **saber llegir**, no en identificar per a fer estadístiques sobre probabilitats d'adquirir determinades malalties. Fer estadística és renunciar a l'exactitud intrínseca que aporta l'ARN/ ADN. La Biologia molecular, la Genòmica estructural, ... s'han d'entendre com parts de la Semiólogia intrínseca i la Semàntica intrínseca (Semiologia genètica, Semàntica genètica)."

Sincerament, em sorprèn que ara s'adonin que:

"el funcionamiento de nuestro ADN es mucho más complejo de lo que pensábamos" (Xavier ESTIVILL, a La Vanguardia 2007-06-14)

perquè és molt incauta per part d'un investigador que gestiona grans quantitats de recursos, arribar a pensar una altra cosa:

"Informació com la dels instints, podrien funcionar amb aquest tipus d'operacions, perquè per llarg que sigui el codi genètic, cal suposar a un Instint una integració brutal d'informació, no assolible fàcilment amb

simples processos seqüencials.” ... “Finalment cal dir que aquestes operacions permetrien dotar al codi genètic, si més no, d'estructures de grups algebraics*, creant un vincle amb els fenòmens quàntics (on intervé necessàriament la teoria de grups algebraics) que reforçaria la importància i necessitat d'una semiologia intrínseca. * I potser, estructures més complexes. (“L' exactitud...” p. 6).

“¿Què és “construir llenguatge”? És entendre com s'estructura. És llegir, però llegir entenent aquesta estructura, no com un alfabet funcional que només identifica i repeteix. Primer cal entendre el concepte. Després, entendre el concepte compost que resulta de combinar-lo amb un altre, un concepte compost i emergent, diferent als dos conceptes components. Concepte compost que pertany a un nivell superior de complexitat respecte del nivell dels conceptes components. I així successivament.” (“L' exactitud...” p. 8)

A “El Periodico” (2007-06-14) està exactament el que vaig escoltar a TV3 la nit anterior:

“La otra gran sorpresa ha sido comprobar que las regiones donde se encuentran los genes están interconectadas,...” ... “Antes se pensaba que los genes se relacionaban como las cuentas de un collar, con fronteras claras, pero hemos visto que a veces no están separados, sino superpuestos, e incluso cuesta distinguirlos”

és exactament el que deia abans (canviant “cuentas de un collar”, “separados” per “seqüencials”)

“...no assolible fàcilment amb simples processos seqüencials.”

Però a més a més, “superpuestos” és una expressió metafòrica, perquè encara ni s'imagina com funciona. Doncs funciona amb “relacions”, amb “coneixements” i “coneixements compostos”, amb “operacions algebraiques”, ... en base a l'estructura que resulta de les agrupacions de codons (“L' exactitud...” p. 8).

Val la pena rellegir les dos parts “Reflexió sobre els Instints” i “El Món a l'inrevés” de “L'exactitud...”.

Fa uns anys vaig assabentar-me del descobriment de A. RUIZ (UAB) de que, com també recorda Roderic a la mateixa notícia:

“ni el mal llamado *ADN basura*, que representa más del 90% de las secuencias de nuestro genoma, es tan inútil como se creía”

Vaig flipar que s'hagués arribat a denominar “basura” a part del genoma. Implica una prepotència i una ignorància indissimulable. Altra cosa és haver-li dit “inexplicable” o “caos” (estrictament, etimològicament, “caos” no és res més que allò que encara no sabem explicar-nos). Per això en un altre escrit de fa més de dos anys escrivia (“Els simbolismes prematerials. Una perspectiva holística per a les “teories d'unificació de les quatre forces”, 2004, crec que t'ho he comentat en algun correu):

També se sap avui (1999 A. RUIZ, UA Barcelona) que les aparentment inútils seqüències d'ADN dites “Transposons”, silencien/ inhibeixen l'acció d'altre ADN (com l'element invers d'un grup algebraic, com una ona d'amplituds inverses d'una altra, que l'anul·la). Les Encefalopaties Subagudes Espongiformes Transmissibles (ESET) es deuen a processos genètics i/o proteics polisèmics, durant els processos de lectura* dels Prions en l'usuari (el dit “al·lotjador”/ “hoste”), i a més a més, amb la coincidència** de que precisament afecten la transmissibilitat de la informació psíquica (alteracions sinàptiques). Tot apunta al mateix lloc, el caràcter simbòlic-interpretatiu i informatiu de la vida, perspectiva que evitaria les massa habituals sorpreses dels genetistes front els nous descobriments. A l'inrevés, ajudaria saber el que es busca i entendre el que es troba.

* Una ancestral i precària temptativa de comunicació cultural, en paral·lel (veure “... cultura” [422]). ** “Dios los cria y ellos se juntan”.

És una hipòtesi encara més avançada, que previsiblement serà confirmada més endavant, constatant l'encert de totes aquestes previsions **fetes l'any 2002** per raó d'un escrit sobre les proteïnes, no registrat, però comentat amb diversos experts. Cal insistir en el final “ajudaria saber el que es busca i entendre el que es troba”, que caldria trametre-li a persones com l'ESTIVILL (esmentat més amunt) o al Roderic:

“No sabemos aún cómo interpretar estos resultados”, admite Roderic GUIGÓ (La Vanguardia 2007-06-14).

No m'han sorprés totes aquestes confirmacions. Com l'escrit ja diu (“L'exactitud...” p. 6):

“És possible fer plantejaments raonables a manera de dreuera. L'estructura simbòlica (+M, +S) de la informació genètica (això és una obvietat, perquè la informació és simbòlica per definició, però no sempre se n'és conscient) pot plantejar la possibilitat de funcionalitats anàlogues a d'altres sistemes simbòlics coneguts (com per exemple, els del coneixement).”

Però el problema va ser al trobar altres manifestacions en Internet dels mateixos autors:

“No hace falta ir tan lejos. Imaginemos que tienes un hijo con un coeficiente de inteligencia bajo y que puedes modificarlo mediante una alteración genética.”

“Tal vez sea una forma más sofisticada y civilizada de escoger como queremos que sean nuestros hijos.”

¿Per què? El motiu de la meua excitació per tot això era també perquè dilluns 11 a la tarda vaig tenir ocasió d'explicar a un Conseller (=Ministre del Govern català) el meu treball del coneixement i va suggerir-me que algunes persones l'avaluessin. Un dels documents que li vaig deixar el dia 13 pel matí, àdhuc abans de que aparegués la notícia, era "La exactitud...".

Vaig deixar-li els escrits amb una carta on insistia:

“La **matemàtica** n'és un component bàsic per a entendre-ho, però igualment el **psicològic** o el **psicopedagògic**, llevat que qui ho analitzi tingui prevencions amb les aportacions freudianes de l'inconscient o dels somnis (també un bon **psicoanalista** fora adient). L'altre perspectiva que ajuda és la **bioquímica** (o la **bioenginyeria**), per les metodologies estructurals genètiques, proteiques i histològiques que es transfereixen a la psique. Tres potes que fixen perfectament el tema plantejat.”

La clau és lo de "les aportacions freudianes". Les manifestacions anteriors del Roderic m'han fet desistir de contactar amb ell. Una cosa és el color dels ulls i una altra el comportament socio-cultural. És com ser "creacionista" i negar l' "Evolució de les espècies". No ens entendríem. Precisament, a "L'exactitud..." s'explica bastant sobre l'infranquejable barrera entre biologia i psicologia. No hi ha "gens assassins", simplement és una absurditat.

És una llàstima perquè la situació és del tot important. No és fàcil, ni freqüent, poder-se anticipar a la investigació científica. En la carta al Conseller (=Ministre del Govern català) acabava dient-li:

Noaltres seguim treballant esperançats perquè l'evolució del coneixement científic cada vegada assenyala més en aquesta direcció.

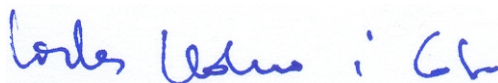
Aquest assenyalament és continu. Premis Nobel de biologia/ medicina com el de G. BLOBEL (1999), R. AXEL i L. BUCK (2004), ...

El LEGGETT (Premi Nobel de química 2003, el que reconeix que a la mecànica quàntica li manca "una teoria que encara no ens podem ni imaginar") també estava massa lluny (USA) i jo no parlo anglès per a explicar-li la "Hipòtesi holística". Només ens vàrem arribar a escriure. Però aquests genetistes estan aquí al costat.

Parlant de "Nobels" tinc la percepció que hi ha una cursa descarada d'alguns genetistes per a aconseguir algun Nobel. No importa publicar un dia tot el contrari del que s'ha dit tres mesos abans. Està passant com amb la unificació de les quatre forces. Fa quaranta anys que escolto que "estem donant el darrer pas", però mai s'acaba de donar i cada vegada el pas esdevé més un abisme.

Me n'alegro d'haver escrit tot això fa dos mesos i haver-ho registrat. Com et vaig dir, escriure'ns aquells correus em va estimular a fer-ho perquè estrictament feia uns anys (des que vaig llegir aquells llibres de bioquímica el 2002) que volia fer-ho. En altre cas, algú podria dir que m'ho invento, i que no es veritat que ja ho deia molt abans que ells.

Una abraçada



2007-06-14

Assumpte: Re: !!El document!!
De: DAVID BUENO I TORRENS <dbueno@ub.edu>
Data: Fri, 15 Jun 2007 11:52:13 +0100
A: carles.udina@cat21.cat

Hola Carles,

tens tota la raó del món quan parles de la prepotència dels científics. Crec que és condició "sine qua non" per progressar dins aquest món. Espero que aquest sigui el motiu del meu "estancament", al lloc on soc i on em trobo còmode, encara que jo no ho visc com un estancament (la paraula "estancament" és de "companys" meus).

Certament s'han dit moltes bestieses sobre el DNA, com parlar de DNA "escombraria", i molta gent ha pecat d'ingenuïtat pensant que seria una cosa senzilla. O han pecat d'excés de simplicitat per aconseguir finançament, i s'ho han acabat creient. **Si dius que el DNA és complex i que trigaràs molts anys a saber com funciona, qui et finançarà la recerca?**

Ara haig d'anar a una reunió. Ja continuaré una altre estona.

Una abraçada,

David

PS Per cert, encara tenim el deute de conèixer-nos personalment.

Monsieur "Nicolas BOURBAKI"

École normale supérieure
45 rue d'Ulm. F-75230 PARIS Cedex 05. France
☎ 00 33 (0) 144 323 000 E-mail: bourbaki@dma.ens.fr; Web: <http://www.bourbaki.ens.fr/>

Els he traduït aquest escrit adjunt "L'exactitud a les ciències", com agraïment per l'ajut que en els meus anys d'estudiant em va aportar BOURBAKI i el que jo anomeno "Escola matemàtica francesa", on també incloc a alguns dels seus membres individualment (CARTAN, DIUEDONNÉ, ..., GODEMENT, LANG, SCHWARTZ, ...) o a d'altres matemàtics francesos que van des de BLAQUIÈRE fins a GODBILLON, tots els que van ser molt importants per a mi i pel meu treball posterior (veure full d'Annex "Heurística").

El meu escrit està lluny, molt lluny, del nivell i de l'especificitat que suposo als escrits que tracten en els seus "Seminaire annuelle". En la meua època d'estudiant, fa gairebé 40 anys, ja em costava seguir els llibres dels referits autors, així doncs puc imaginar lo lluny que estic avui.

Jo no voldria que percebessin el meu treball des d'aquesta perspectiva perquè caurien en judicis simplistes com: "¡però si això és àlgebra de BOOLE!", "¡però si això són canvis de coordenades!". Aquests judicis ja me'ls van fer antics catedràtics i professors meus de matemàtica, o familiars que avui també ho són, quan fa anys els vaig demanar el seu ajut. Fins i tot els vaig molestar pel meu "intrusisme".

Potser per això, fins avui no m'havia decidit a fer un escrit del conjunt del meu treball amb aquest enfocament matemàtic. Sempre ho havia fet des de la perspectiva psicològica, lingüística, informàtica, biològica, genètica, ..., i més darrerament física.

Però aclarit tot això anterior, és encara més obvi que les facultats que permeten el pensament, el coneixement i el llenguatge humà, no s'han de representar a suport d'àlgebres de Lie o amb la integració de formes diferencials. Si hagués de ser així només podrien pensar i parlar els matemàtics, i sempre que ja haguessin nascut ensenyats... Així doncs, la representació ha de ser tan simple com, a la vegada, potent.

Cal fer aquesta primera reflexió perquè, tot al contrari, molts científics i les seves institucions estan treballant en trobar –absurdament– "Llenguatges universals", sigui mitjançant complexes fórmules estadístiques, agressius procediments del software o plantejaments neurofisiològics.

Cal aquesta reflexió també perquè, tot i la simplicitat amb que s'han de representar necessàriament les facultats i els processos que a Vostès –o als membres fundadors de BOURBAKI– els han permès elaborar els seus envejables coneixements de la matemàtica, és segur que no coneixen aquestes facultats i processos que els ho han permès.

El contrast entre el gran coneixement de la fenomenologia externa a l'home i el nul coneixement de la nostra pròpia fenomenologia cognitiva interna, la que ens permet l'anterior coneixement extern, era per a mi un escandalós anacronisme, el més gran forat negra del coneixement científic. Per això, el 1987 em vaig posar a treballar conscientment per a resoldre-ho. El 1996 vaig establir un model vàlid, comprovable i simulable de l'estructura del pensament –coneixement inclòs– i del seu funcionament.

Des de llavors no he fet altra cosa que intentar explicar-lo i millorar la meua explicació. I al fer-ho, veure que el model també era vàlid i aplicable en un àmbit cada vegada més ampli (veure full d'Annex "Heurística").

Per tot això voldria que llegissin el meu escrit tenint en compta els següents fets i/o reflexions:

- 1) Partint dels sistemes numèrics posicionals –amb els que gestionem exclusivament els conceptes quantitatius, és a dir, els nombres– he fet una extensió algebraica a un sistema que gestiona amb anàloga eficiència tots els conceptes, siguin conceptes quantitatius, qualitius, reals o "abstractes" en general.

Aquesta extensió, que denomino "Sistema conceptual (intrínsec i exacta)" és com un producte universal per a la categoria dels idiomes. És el màxim nivell al que es pot concebre un "Llenguatge universal".

Acadèmicament pot no ser d'un alt nivell. També podrà dir-se que sempre haurà un número moltíssim més petit de conceptes (un o uns pocs milions) que de nombres (innombrables), fins i tot que de nombres naturals (∞). Però és una representació matemàtica potent i útil (de la màxima transcendència cultural i intel·lectual). I extraordinàriament intuitiva i estètica.

2) He descobert que els nens, des de petits, gestionen intuïtivament conceptes matemàtics que avui només s'estudien a l'ensenyament universitari. Partint d'això i d'altres realitats que avui encara s'ignoren, es pot entendre fàcilment "¿Per què planteja tants problemes l'aprenentatge de la matemàtica?" i com es podria resoldre aquest espinós problema. Una de les moltes conclusions és la necessitat de refer –des d'una perspectiva intrínseca i psicològica– la classificació de tots els conceptes de la matemàtica. No crec que això els espanti a Vostès, perquè la seva raó institucional fundacional va ser molt més ambiciosa i prèvia: reestructurar i rescriure tota la matemàtica.

Els puc començar a explicar "¿Per què l'home pot fer matemàtica?" i abans, si la matemàtica és una "creació" de l'home, o no tant. Unes qüestions que per a moltes persones –suposo que amb més raó pels matemàtics– és un dels interrogants més importants que encara té plantejat el coneixement científic.

Suposat que pugui explicar tot això anterior, es deriva que els problemes de l'ensenyament en general són igualment resolubles, apareixent les lleis de la pedagogia tal com reclamava VIGOTSKI. El fracàs escolar es pot evitar, així com analitzar i corregir. Per a això, cal introduir conceptes matemàtics com espai, transitivitat, continuïtat, compacitat, ... en les progressions cognitives del nen, és a dir, en la generació i maduració del seu propi espai cognitiu, el seu propi Sistema conceptual. A part de l'entorn afectiu –això és una altra qüestió– la dificultat no està en optimitzar tot això un cop se sap com funciona, sinó que en modificar els nostres nefastos sistemes d'ensenyament.

3) Finalment, penso que encara manca un programa per a la lògica, intrínsec, anàleg al que va formular KLEIN a Erlangen per a la geometria. Familiarment jo li dic el "Programa de Vilassar de Mar per a la lògica", però aquest acudit ha estat percebut com una grosseria, com un sacrilegi, per part dels pocs matemàtics –els ja esmentats– als que els he comentat.

Per raons de brevetat deixo a la recàmera altres concurrències i alguna coincidència fortuïta que m'agradaria poder-los explicar més en davant.

Si jo no he sobrevalorat excessivament la meva capacitat d'explicar-me, penso que amb això, amb l'Annex i amb l'escrit podran inferir bastant informació sobre el que ha estat el meu treball.

Si és així, i si ho valoren positivament, entendran –com un corollari obvi– que la finalitat del meu escrit també és demanar el seu ajut. Avui el treball ja està prou consolidat, però sempre es pot seguir ampliant –infinitament– i per a que sigui així es tracta sobre tot de començar a difondre-ho i en conseqüència facilitar que s'apliqui, aspectes en els que jo sol encara no he reeixit fins al moment.

Ni tan sols he reeixit fins ara en trobar a Catalunya o Espanya alguna institució o col·lectiu suficientment influent, fet que ni desmereix el treball, ni necessàriament em desmereix a mi mateix (cal recordar els 1000 anys –i els excomulgats o cremats per l'Església– que va requerir la implantació del sistema numèric decimal..., o fa ben poc, l'enrenou per l'adopció de l'Euro, unes simples homotecies en \mathbb{R}^1 , unes simples multiplicacions, una per a cada unitat de moneda).

Resto molt il·lusionat a l'espera de la seva resposta i comentaris. Cordialment,

Carles Ullmer i Cb

ANNEX

Sense l'ajut d'un bon nivell de coneixements matemàtics per a poder escollir els recursos més adients –de la geometria algebraica, l'àlgebra tensorial o la geometria diferencial– jo no hauria pogut trobar res. Ho explico breument a l'apartat [22], "Heuristique" d'un escrit que vaig traduir al francès fa uns mesos: "Les symbolismes pré-matériels. Une perspective holistique pour les théories de grande unification des quatre forces":

Heurística [22]

Crec oportú aclarir que l'heurística* que he seguit no ha estat la successió d'arguments i exemples aquí exposats. Els exemples i molts arguments associats, m'han anat apareixent fortuïtament al buscar exemples amb els que intentar explicar a experts de camps específics una teoria interdisciplinària com aquesta del pensament. Cal dir que aquesta interdisciplinarietat ha estat una barrera constant: "Això són matemàtiques i sobre això jo no se que dir-te, hauries d'explicar-li a un matemàtic", "Els matemàtics no sabem (ni ens interessa) la psicologia", "Els lingüistes rebutgem deshumanitzar el llenguatge amb la matemàtica", "Els biòlegs només treballem amb el que veiem al microscopi, som molt pragmàtics", ...

* L'heurística és el camí seguit per a assolir un coneixement cert. Insisteixo en parlar d'heurística pel model del pensament, perquè ja està comprovada la seva utilitat.

Tots aquests coneixements col·laterals, apareguts buscant exemples per a explicar-me millor, no han fet una altra cosa que reforçar dia a dia l'encert del model, i sobre tot, la seva aplicació a un àmbit cada vegada més ampli, de la psicologia, de la matemàtica, del llenguatge, ..., de l'aprenentatge i la comprensió, i pot ser de la física si finalment aquesta perspectiva arriba a aportar en un futur una comprensió més precisa dels fenòmens quàntics.

Amb el precedent del programa d'Erlangen de Felix KLEIN per a la geometria, basat en **la recerca de la intrinsicitat**, el camí pel que intuïtivament vaig optar el 1987 va ser aplicar la teoria de l'endomorfisme, de la geometria algebraica, a les paraules i frases, per a trobar els trets intrínsecs associats a les expressions humanes. És a dir, definir els conceptes que representen i les seves relacions*. Vaig fer un programa informàtic que feia "canvis de base"**, movent paraules per a establir conceptes relacionats, els "**invariants**", que ja no es modificaven mai més. La tasca de tota una vida d'un erudit, podia fer-la l'ordinador en minuts.

* Dos conceptes relacionats, **aRb**, és un coneixement. Així que "Sistema conceptual" i "Sistema cognitiu" és intrínsecament el mateix.

** Unes "Coordenades" són una referència inequívoca a una "Base" (= "Sistema de coordenades") que hem determinat prèviament. Una "Definició" és això mateix, la referenciació inequívoca a uns Conceptes previs ja coneguts. Com els conceptes formen un espai multidimensional i pel mateix tenen "Herència múltiple", admeten diverses definicions, corresponents a les diverses bases de referència possible.

La **definició exacta d'un concepte**, una exigència per a mi irrenunciable tot i que sempre s'havia negat la seva possibilitat, resulta d'un procés equivalent al de la diagonalització d'una matriu algebraica de canvi de base. D'aquí va anar apareixent, entre els anys 91 i 96, el sistema conceptual intrínsec i exacta, la representació del coneixement i el model del pensament amb la definició dels seus nivells (els "sotsepais propis") i les seves facultats bàsiques, la semiologia i la semàntica intrínseques, el model global de la psique, ...

"Les symbolismes pré-matériels. Une perspective holistique pour les théories de grande unification des quatre forces". C. UDINA ©2006

Post-Scriptum:

Le 23 avril, Sant Jordi (Saint Georges), est le jour national de notre petit non-État, Catalunya (Catalogne). Ce jour nous offrons à nos amis une rose et un livre. Pour marquer cette coïncidence, voici la rose.

J'attache tant même le correspondant fichier "BOURBAKI fra.pdf" en "CD".



CORREOS RR344631750ES
CIF A83052407 OFICINA: 0800010 - BARCELONA OP

REMITENTE/REMITENT
D. CARLES UDINA COBO NIF 46 306 639 F

DESTINATARIO/DESTINATARI
D. Nicolas BOURBAKI
C. 45 rue d'Ulm n° piso
Población F-75230 PARIS CEDEX 05 pta
C.P. Prov. País FRANCE

Carta Certificada
Fecha: 02/05/2007 Aviso de recibo:
Peso: 188 gr.
Hora: 11:57
Importe: 7,15 €

Carta Pagete Final Recibo
 Seguro M. Seguro Anul. Seguro Anul. Seguro Anul.

Urgente / Urgent Reembolso / Reemborsament
 Aviso de Recibo / Avis de Rebuta Asegurada / Asegurada

REMITENTE/REMITENT

Administración de Correos de origen Administración des postes d'origine
ESPAÑA ESPAGNE

AVISO de recibo/de entrega/de pago/de inscripción CN
AVIS de réception/de livraison/de paiement/d'inscription

Oficina de depósito Bureau de dépôt Fecha Date
Destinatario del envío Destinataire de l'envoi
Nicolas BOURBAKI PARIS FRANCE

Clase de envío Nature de l'envoi
No prioritario/Non prioritaire
Prioritario/Cartha Prioritaire
No registrado/Non enregistré
Registrado/Enregistré

Valor
Declarado
Límite aduanero

Impuesto
Mensual
Impuesto
de
Importación
Impuesto
de
Exportación

El envío arriba indicado fue debidamente
reintegrado
L'envoi mentionné ci-dessus a été dûment
reintégré

Fecha y hora
16.4.07

Devolver a / Renvoyer à
Nombre o razón social / Nom ou raison sociale
CARLES UDINA COBO
Calle y n.º / Rue et n.º
Sant Jolep C7
Localidad y país / Localité et pays
BARCELONA CATALUNYA ESPAGÑA

Los científicos descubren los secretos ocultos del ADN

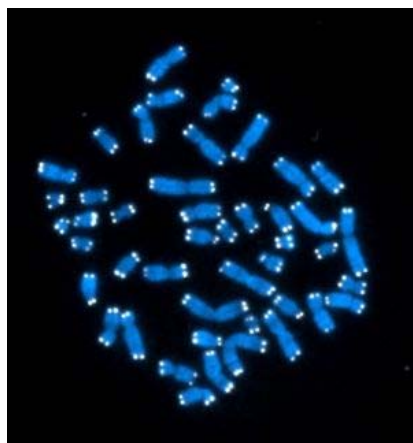
Un macroestudio internacional descubre que un 95% de la información genética tiene utilidad, y no solo el 1,5% que se pensaba

La mayoría de la información interviene en funciones biológicas del ser humano

JAVIER SAMPEDRO | Madrid | 5 SEP 2012 - 20:10 CET

219

Archivado en: Genoma humano Genoma Genética España Biología Investigación científica Ciencias naturales Ciencia



Los 46 cromosomas humanos, donde reside el ADN / AP

La tendencia natural es imaginar el genoma como la base de datos de HAL, el robot paranoico de [2001, odisea en el espacio](#), o incluso como [La biblioteca de Babel](#) de Borges, donde todo texto posible acababa por existir en algún anaquel de alguna estancia. Una metáfora más apta sería la [Ventura highway](#) de América, la autopista de Ventura “donde los días son más largos y las noches más fuertes que el aguardiente casero, según la canción del mismo nombre. O tal vez otra carretera por el desierto donde los lagartos vuelen.

La mayor [paradoja del genoma humano](#) es bien conocida: de sus 3.000 millones de letras químicas (los nucleótidos atccagtag... que están repartidos en 23 cromosomas como los artículos en los distintos tomos de una enciclopedia), solo el 1,5% parece ser funcional: lo que solemos llamar genes. El 98,5% restante sería basura genómica. Es como si en una estantería con 200 libros, solo tres libros significaran algo. O mejor, como si solo fuera cierto un versículo de la Biblia por página.

De ahí el proyecto [Encode](#) (acrónimo inglés de Enciclopedia de elementos de ADN) para describir todas las partes del genoma que tienen alguna función, aunque estén fuera de los genes convencionales. Es un superconsorcio científico internacional —solo la lista de los 442 firmantes ocupa una página y media con letra de prospecto— que presentó ayer sus resultados en seis artículos en [Nature](#) y otros 24 artículos en otras revistas científicas.

LA MATERIA OSCURA DEL GENOMA



HEBER LONGÁS / EL PAÍS

El principal resultado de esta especie de Proyecto Genoma II es que lo que se consideraba basura no era tal. El 80% del genoma humano resulta tener al menos una función bioquímica en al menos algún tejido del cuerpo y en al menos alguna fase del desarrollo o de la vida adulta. Y nada menos que el 95% del genoma está implicado en la regulación de los genes convencionales. De hecho, la mayoría de las variaciones implicadas hasta ahora en alguna enfermedad humana está en estas zonas que se consideraban basura, lo que abrirá nuevas posibilidades a la medicina.

“Uno de los descubrimientos más extraordinarios del consorcio”, dice Joseph Ecker, del [Instituto Salk de California](#), “es que el 80% del genoma contiene elementos asociados a funciones bioquímicas, lo que liquida la percepción generalizada de que casi todo el genoma humano consiste en ADN basura”.

La genómica no ha inventado nuevos conceptos.

Lo que ha hecho es permitir el análisis de los viejos conceptos a una escala global, sin sesgos ni preconcepciones. Sus resultados son los primeros datos duros de la historia de la biología, un cuerpo de conocimiento que no depende de lo que el investigador esté buscando, el tipo de recolección de datos en el que se suele basar la física, la madre de todas las ciencias: primero se recopila todo lo que se puede, y luego se le busca el sentido. La investigación biológica ha dado sin duda un salto cuantitativo en las últimas dos décadas. Que ese salto sea también cualitativo es más dudoso, como saben muy bien los investigadores del área.

Y la cuestión tiene un interés incluso filosófico. “Los resultados nos obligan a repensar la definición de gen y de la unidad mínima de la herencia”, dice Ecker.

Hasta ahora solo se daba valor al La cuestión puede ser demasiado técnica en un sentido, o demasiado profunda en otro. Lo que importa, si hemos de fiarnos de la historia, es si

1,5% de las letras químicas del ADN

ilumina el camino hacia una realidad oculta hasta ahora, una que todos teníamos ante las narices sin alcanzar a verla. Y algunos científicos piensan que así es.

La autopista de Ventura genómica está llena de señales y carteles, pero solo unos pocos se ven en cada momento. Igual que la que da nombre, que cruza California, en invierno todos son visibles salvo los que están cubiertos de hielo en las cotas altas; en verano la vegetación oculta los letreros más cercanos al valle. Como consecuencia, los ingresos de cada restaurante muestran una evidente dependencia de la temperatura. Esta es otra percepción central de la genómica actual: que todas las células de un cuerpo tendrán los mismos genes, pero que sus patrones de activación dependen del entorno.


Una de las revelaciones de la nueva tecnología del ADN es que, aunque la genética es lineal desde que Mendel la formuló en el siglo XIX gracias a sus juegos con las pieles y los colores de los guisantes, sus sutilezas —la clase de mecanismos que impulsaron la evolución de la especie humana— no lo son en absoluto. Los genes, como predijeron Mendel y la genética clásica, son en efecto tramos de ADN (tccggtaca...) que se disponen uno detrás de otro en rigurosa fila en el cromosoma, como en la autopista de Ventura.

Era como si en una estantería de 200 libros solo tres tuvieran sentido

La activación de un proceso puede estar en cromosomas distintos

Pero las regiones reguladoras de los genes —los tramos de secuencia de ADN que les dicen a otros tramos de secuencia de ADN dónde y cuándo tienen que activarse— no siempre son adyacentes a los genes propiamente dichos, sino que a veces están muy lejos en el cromosoma, y a menudo están alojados incluso en otro cromosoma distinto.

Algunos científicos creen que esa, precisamente, es la revolución genética en ciernes: la forma en que esa no linealidad de la regulación genética está revelando la arquitectura profunda del núcleo de nuestras células, la pura y simple geometría del genoma.

Si fuera así, no solo importaría lo que una información dice, sino sobre todo dónde lo dice 



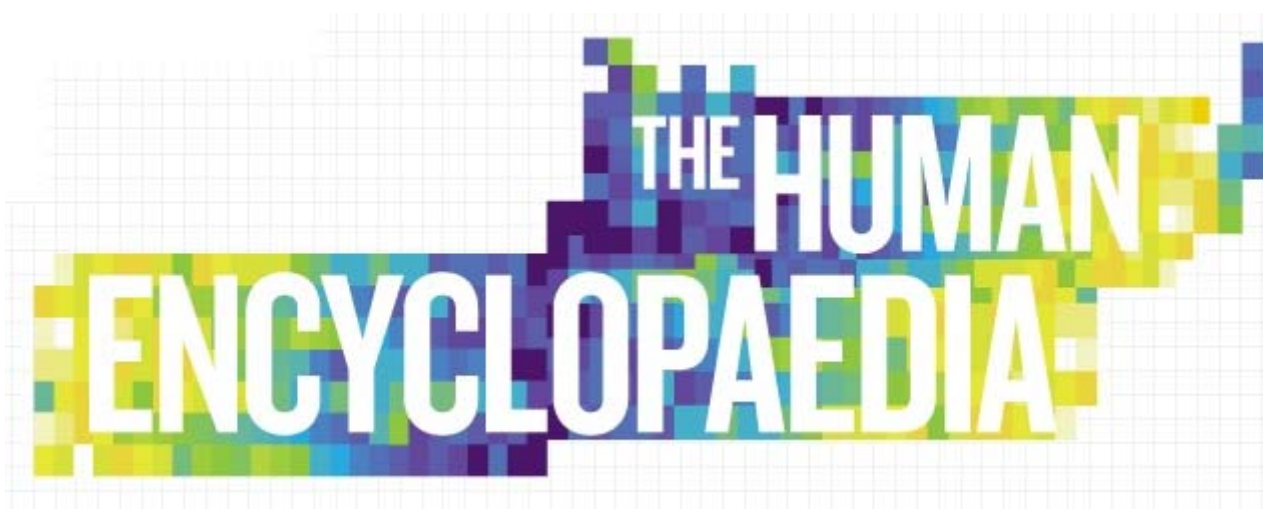
NATURE | NEWS FEATURE

ENCODE: The human encyclopaedia

First they sequenced it. Now they have surveyed its hinterlands. But no one knows how much more information the human genome holds, or when to stop looking for it.

Brendan Maher

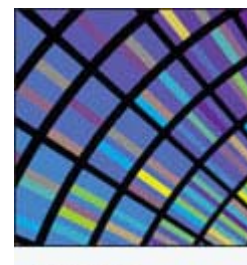
05 September 2012



Ewan Birney would like to create a printout of all the genomic data that he and his collaborators have been collecting for the past five years as part of ENCODE, the Encyclopedia of DNA Elements. Finding a place to put it would be a challenge, however. Even if it contained 1,000 base pairs per square centimetre, the printout would stretch 16 metres high and at least 30 kilometres long.

ENCODE was designed to pick up where the Human Genome Project left off. Although that massive effort revealed the blueprint of human biology, it quickly became clear that the instruction manual for reading the blueprint was sketchy at best. Researchers could identify in its 3 billion letters many of the regions that code for proteins, but those make up little more than 1% of the genome, contained in around 20,000 genes — a few familiar objects in an otherwise stark and unrecognizable landscape. Many biologists suspected that the information responsible for the wondrous complexity of humans lay somewhere in the ‘deserts’ between the genes. ENCODE, which started in 2003, is a massive data-collection effort designed to populate this terrain. The aim is to catalogue the ‘functional’ DNA sequences that lurk there, learn when and in which cells they are active and trace their effects on how the genome is packaged, regulated and read.

After an initial pilot phase, ENCODE scientists started applying their methods to the entire genome in 2007. Now that phase has come to a close, signalled by the publication of 30 papers, in *Nature*, *Genome Research* and *Genome Biology*. The consortium has assigned some sort of function to roughly 80% of the genome, including more than 70,000 ‘promoter’ regions — the sites, just upstream of genes,



where proteins bind to control gene expression — and nearly 400,000 ‘enhancer’ regions that regulate expression of distant genes (see page 57)¹. But the job is far from done, says Birney, a computational biologist at the European Molecular Biology Laboratory’s European Bioinformatics Institute in Hinxton, UK, who coordinated the data analysis for ENCODE. He says that some of the mapping efforts are about halfway to completion, and that deeper characterization of everything the genome is doing is probably only 10% finished. A third phase, now getting under way, will fill out the human instruction manual and provide much more detail.

ENCODE
Encyclopedia of
DNA Elements

nature.com/encode

Many who have dipped a cup into the vast stream of data are excited by the prospect. ENCODE has already illuminated some of the genome’s dark corners, creating opportunities to understand how genetic variations affect human traits and diseases. Exploring the myriad regulatory elements revealed by the project and comparing their sequences with those from other mammals promises to reshape scientists’ understanding of how humans evolved.

Related stories

- Spinning threads
- Presenting ENCODE
- Genomics: ENCODE explained

More related stories

Yet some researchers wonder at what point enough will be enough. “I don’t see the runaway train stopping soon,” says Chris Ponting, a computational biologist at the University of Oxford, UK. Although Ponting is supportive of the project’s goals, he does question whether some aspects of ENCODE will provide a return on the investment, which is estimated to have exceeded US\$185 million. But Job Dekker, an ENCODE group leader at the University of Massachusetts Medical School in Worcester, says that realizing ENCODE’s potential will require some patience. “It sometimes takes you a long time to know how much can you learn from any given data set,” he says.

Even before the human genome sequence was finished², the National Human Genome Research Institute (NHGRI), the main US funder of genomic science, was arguing for a systematic approach to identify functional pieces of DNA. In 2003, it invited biologists to propose pilot projects that would accrue such information on just 1% of the genome, and help to determine which experimental techniques were likely to work best on the whole thing.

Nature Podcast

ENCODE coordinator Ewan Birney discusses consortium science with the LHC’s Tejinder Virdee.

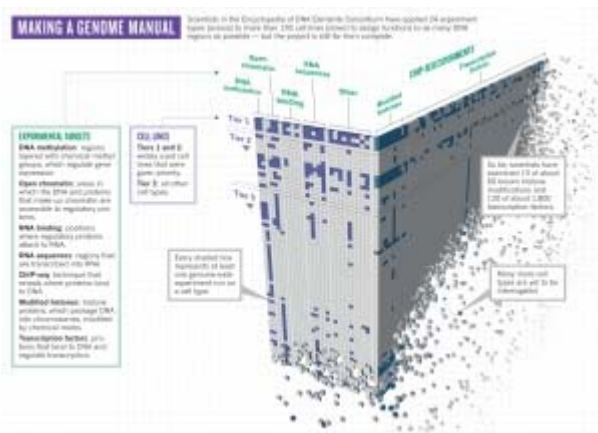
[Go to full podcast](#)

The pilot projects transformed biologists’ view of the genome. Even though only a small amount of DNA manufactures protein-coding messenger RNA, for example, the researchers found that much of the genome is ‘transcribed’ into non-coding RNA molecules, some of which are now known to be important regulators of gene expression. And although many geneticists had thought that the functional elements would be those that are most conserved across species, they actually found that many

important regulatory sequences have evolved rapidly. The consortium published its results³ in 2007, shortly after the NHGRI had issued a second round of requests, this time asking would-be participants to extend their work to the entire genome. This ‘scale-up’ phase started just as next-generation sequencing machines were taking off, making data acquisition much faster and cheaper. “We produced, I think, five times the data

we said we were going to produce without any change in cost,” says John Stamatoyannopoulos, an ENCODE group leader at the University of Washington in Seattle.

The 32 groups, including more than 440 scientists, focused on 24 standard types of experiment (see ‘Making a genome manual’). They isolated and sequenced the RNA transcribed from the genome, and identified the DNA binding sites for about 120 transcription factors. They mapped the regions of the genome that were carpeted by methyl chemical groups, which generally indicate areas in which genes are silent. They examined patterns of chemical modifications made to histone proteins, which help to package DNA into chromosomes and can signal regions where gene expression is boosted or suppressed. And even though the genome is the same in most human cells, how it is used is not. So the teams did these experiments on multiple cell types — at least 147 — resulting in the 1,648 experiments that ENCODE reports on this week^{1, 4–8}.



Stamatoyannopoulos and his collaborators⁴, for example, mapped the regulatory regions in 125 cell types using an enzyme called DNaseI (see page 75). The enzyme has little effect on the DNA that hugs histones, but it chops up DNA that is bound to other regulatory proteins, such as transcription factors. Sequencing the chopped-up DNA suggests where these proteins bind in the different cell types. The team discovered around 2.9 million of these sites altogether. Roughly one-third were found in only one cell type and just 3,700 showed up in all cell types,

suggesting major differences in how the genome is regulated from cell to cell.

The real fun starts when the various data sets are layered together. Experiments looking at histone modifications, for example, reveal patterns that correspond with the borders of the DNaseI-sensitive sites. Then researchers can add data showing exactly which transcription factors bind where, and when. The vast desert regions have now been populated with hundreds of thousands of features that contribute to gene regulation. And every cell type uses different combinations and permutations of these features to generate its unique biology. This richness helps to explain how relatively few protein-coding genes can provide the biological complexity necessary to grow and run a human being. ENCODE “is much more than the sum of the parts”, says Manolis Kellis, a computational genomicist at the Massachusetts Institute of Technology in Cambridge, who led some of the data-analysis efforts.

The data, which have been released throughout the project, are already helping researchers to make sense of disease genetics. Since 2005, genome-wide association studies (GWAS) have spat out thousands of points on the genome in which a single-letter difference, or variant, seems to be associated with disease risk. But almost 90% of these variants fall outside protein-coding genes, so researchers have little clue as to how they might cause or influence disease.

The map created by ENCODE reveals that many of the disease-linked regions include enhancers or other

functional sequences. And cell type is important. Kellis's group looked at some of the variants that are strongly associated with systemic lupus erythematosus, a disease in which the immune system attacks the body's own tissues. The team noticed that the variants identified in GWAS tended to be in regulatory regions of the genome that were active in an immune-cell line, but not necessarily in other types of cell and Kellis's postdoc Lucas Ward has created a web portal called HaploReg, which allows researchers to screen variants identified in GWAS against ENCODE data in a systematic way. "We are now, thanks to ENCODE, able to attack much more complex diseases," Kellis says.

Are we there yet?

Researchers could spend years just working with ENCODE's existing data — but there is still much more to come. On its website, the University of California, Santa Cruz, has a telling visual representation of ENCODE's progress: a grid showing which of the 24 experiment types have been done and which of the nearly 180 cell types ENCODE has now examined. It is sparsely populated. A handful of cell lines, including the lab workhorses called HeLa and GM12878, are fairly well filled out. Many, however, have seen just one experiment.

Scientists will fill in many of the blanks as part of the third phase, which Birney refers to as the 'build out'. But they also plan to add more experiments and cell types. One way to do that is to expand the use of a technique known as chromatin immunoprecipitation (ChIP), which looks for all sequences bound to a specific protein, including transcription factors and modified histones. Through a painstaking process, researchers develop antibodies for these DNA binding proteins one by one, use those antibodies to pull the protein and any attached DNA out of cell extracts, and then sequence that DNA.

But at least that is a bounded problem, says Birney, because there are thought to be only about 2,000 such proteins to explore. (ENCODE has already sampled about one-tenth of these.) More difficult is figuring out how many cell lines to interrogate. Most of the experiments so far have been performed on lines that grow readily in culture but have unnatural properties. The cell line GM12878, for example, was created from blood cells using a virus that drives the cells to reproduce, and histones or other factors may bind abnormally to its amped-up genome. HeLa was established from a cervical-cancer biopsy more than 50 years ago and is riddled with genomic rearrangements. Birney recently quipped at a talk that it qualifies as a new species.

ENCODE researchers now want to look at cells taken directly from a person. But because many of these cells do not divide in culture, experiments have to be performed on only a small amount of DNA, and some tissues, such as those in the brain, are difficult to sample. ENCODE collaborators are also starting to talk about delving deeper into how variation between people affects the activity of regulatory elements in the genome. "At some places there's going to be some sequence variation that means a transcription factor is not going to bind here the same way it binds over here," says Mark Gerstein, a computational biologist at Yale University in New Haven, Connecticut, who helped to design the data architecture for ENCODE. Eventually, researchers could end up looking at samples from dozens to hundreds of people.

The range of experiments is expanding, too. One quickly developing area of study involves looking at interactions between parts of the genome in three-dimensional space. If the intervening DNA loops out of

the way, enhancer elements can regulate genes hundreds of thousands of base pairs away, so proteins bound to the enhancer can end up interacting with those attached near the gene. Dekker and his collaborators have been developing a technique to map these interactions. First, they use chemicals that fuse DNA-binding proteins together. Then they cut out the intervening loops and sequence the bound DNA, revealing the distant relationships between regulatory elements. They are now scaling up these efforts to explore the interactions across the genome. "This is beyond the simple annotation of the genome. It's the next phase," Dekker says.

The question is, where to stop? Kellis says that some experimental approaches could hit saturation points: if the rate of discoveries falls below a certain threshold, the return on each experiment could become too low to pursue. And, says Kellis, scientists could eventually accumulate enough data to predict the function of unexplored sequences. This process, called imputation, has long been a goal for genome annotation. "I think there's going to be a phase transition where sometimes imputation is going to be more powerful and more accurate than actually doing the experiments," Kellis says.

Yet with thousands of cell types to test and a growing set of tools with which to test them, the project could unfold endlessly. "We're far from finished," says geneticist Rick Myers of the HudsonAlpha Institute for Biotechnology in Huntsville, Alabama. "You might argue that this could go on forever." And that worries some people. The pilot ENCODE project cost an estimated \$55 million; the scale-up was about \$130 million; and the NHGRI could award up to \$123 million in the next phase.

Some researchers argue that they have yet to see a solid return on that investment. For one thing, it has been difficult to collect detailed information on how the ENCODE data are being used. Mike Pazin, a programme director at the NHGRI, has scoured the literature for papers in which ENCODE data played a significant part. He has counted about 300, 110 of which come from labs without ENCODE funding. The exercise was complicated, however, because the word 'encode' shows up in genetics and genomics papers all the time. "Note to self," says Pazin wryly, "make up a unique project name next time around."

A few scientists contacted for this story complain that this isn't much to show from nearly a decade of work, and that the choices of cell lines and transcription factors have been somewhat arbitrary. Some also think that the money eaten up by the project would be better spent on investigator-initiated, hypothesis-driven projects — a complaint that also arose during the Human Genome Project. But unlike the genome project, which had a clear endpoint, critics say that ENCODE could continue to expand and is essentially unfinishable. (None of the scientists would comment on the record, however, for fear that it would affect their funding or that of their postdocs and graduate students.)

Birney sympathizes with the concern that hypothesis-led research needs more funding, but says that "it's the wrong approach to put these things up as direct competition". The NHGRI devotes a lot of its research dollars to big, consortium-led projects such as ENCODE, but it gets just 2% of the total US National Institutes of Health budget, leaving plenty for hypothesis-led work. And Birney argues that the project's systematic approach will pay dividends. "As mundane as these cataloguing efforts are, you've got to put all the parts down on the table before putting it together," he says.

After all, says Gerstein, it took more than half a century to get from the realization that DNA is the hereditary material of life to the sequence of the human genome. “You could almost imagine that the scientific programme for the next century is really understanding that sequence.”

Nature **489**, 46–48 (06 September 2012) doi:10.1038/489046a

References

1. The ENCODE Project Consortium *Nature* **489**, 57–74 (2012).
[Show context](#) [Article ISI](#)
2. International Human Genome Sequencing Consortium *Nature* **431**, 931–945 (2004).
[Show context](#) [Article PubMed ISI](#)
3. The ENCODE Project Consortium *Nature* **447**, 799–816 (2007).
[Show context](#) [Article PubMed ISI](#)
4. Thurman, R. E. *et al.* *Nature* **489**, 75–82 (2012).
[Show context](#) [Article](#)
5. Neph, S. *et al.* *Nature* **489**, 83–90 (2012).
[Show context](#) [Article](#)
6. Gerstein, M. B. *et al.* *Nature* **489**, 91–100 (2012).
[Show context](#) [Article](#)
7. Djebali, S. *et al.* *Nature* **489**, 101–108 (2012).
[Show context](#) [Article](#)
8. Sanyal, A., Lajoie, B. R., Jain, G. & Dekker, J. *Nature* **489**, 109–113 (2012).
[Show context](#) [Article](#)

Related stories and links

From nature.com

- **Spinning threads**
05 September 2012
- **Presenting ENCODE**
05 September 2012
- **Genomics: ENCODE explained**
05 September 2012
- **The making of ENCODE: Lessons for big-data projects**
05 September 2012
- **Human genome at ten: Life is complicated**
31 March 2010
- **Genome project turns up evolutionary surprises**

13 June 2007

- **Nature special: ENCODE**
- **Nature News special: The human genome at ten**
- **Scientific American: Hidden treasures in 'junk' DNA**

From elsewhere

- **ENCODE**
- **HaploReg**

Comments

2012-09-05 05:33 AM

Steven Salzberg said: ENCODE was an interesting experiment back in 2003, in the pilot phase. I think the more recent phases have been mostly a bust. Of course if you throw enormous funds at a problem, you'll get some results, but the funds would be much better spent on smaller projects.

When should it stop? Now. Give the funds to many smaller projects instead.

2012-09-06 01:37 AM

Stephen Orla Searfoss Sr. said: It is great that we get past the "junk" DNA theory with these discoveries. I am an IT person and know that this work is very similar to reverse engineering. Logic tells us there is a lot more information, if I may call it that in the DNA. Here is a video I produced explaining some of the information that has to be in DNA: http://www.youtube.com/watch?v=Ub9_KEHGr4Q

You need to be registered with *Nature* and agree to our Community Guidelines to leave a comment. Please log in or register as a new user. You will be re-directed back to this page.

See other News & Comment articles from *Nature*

Nature ISSN 0028-0836 EISSN 1476-4687

© 2012 Nature Publishing Group, a division of Macmillan Publishers Limited. All Rights Reserved.
partner of AGORA, HINARI, OARE, INASP, CrossRef and COUNTER