

Demostrar o no demostrar: *La cuestión computacional de la biología*

En la temprana década de los 40, la introducción del ordenador revolucionó el modo de trabajar en el mundo de la física. En la década de los 70, se trató de provocar una revolución parecida en el campo de la biología. La introducción de la computación en la biología ha supuesto y supondrá un cambio en el terreno de la investigación teórica.

Con el estallido de conocimientos vividos en el campo de la biología en los últimos treinta años, el volumen de los datos ha aumentado exponencialmente, hasta tal punto que el equipo de investigadores que lo generan no pueden ya controlarlo localmente. En todo momento, la biología ha ido avanzado hasta convertirse en una “ciencia dependiente de los datos” (Lenoir, Timothy. *Shaping Biomedicine as an Information Science*). Aunque existan distintas perspectivas sobre el papel exacto que desempeña la computación en la revolución de esta ciencia, es un hecho generalmente sabido que la incorporación de ésta a cada aspecto de la investigación biológica provocará los principales cambios característicos en el campo.

Prácticamente todos los que abogan por la computación dentro del campo de la biología, comparten la idea de que la transformación hará de ésta una ciencia teórica de acuerdo con la agenda del NIH (Instituto nacional de la salud) de hace más de cuarenta años. No obstante, aún existe desacuerdo en cuanto al modo exacto en la que las máquinas lograrán esto. Timothy Lenoir asegura que los modelos computacionales y la inteligencia artificial tendrán en cuenta las predicciones exactas de las actividades que anteriormente fueron demasiado difíciles de resolver para el pensamiento humano. El principal ejemplo observado es la simulación del plegamiento de proteínas en tres dimensiones, que según Lenoir, puede determinarse explícitamente si conocemos todas las fuerzas atómicas en acción y disponemos de suficiente potencia computacional. Joshua Lederberg refuta esta idea, afirmando que puesto que se ha mostrado que numerosas teorías supuestamente “demostradas” presentan errores clave, lo mismo puede aplicarse a las proteínas 3-D. Lederberg sugiere que los ordenadores pueden utilizarse no para demostrar teorías, sino para acelerar el proceso de detección de errores en las teorías existentes por parte de los biólogos.

El argumento de Lederberg, aunque menos detallado, es igual de riguroso y bastante más oportuno que el de Lenoir. La historia corrobora las declaraciones de Lederberg, quién señala 13 teorías individuales aceptadas, que posteriormente demostraron ser responsables de serios errores y malas interpretaciones. No queda lugar a dudas sobre la seriedad con la que se toma esta explicación cuando observa la incorrección de su propia teoría en el ejemplo 2 (Lederberg, Joshua. *The Anti-Expert System: Hypotheses an AI Program Should Have Seen Through*), (El sistema anti-experto: Hipótesis que un programa de IA debería haber previsto). Un ordenador dotado de una adecuada inteligencia artificial sería capaz de seleccionar un número suficiente de escenarios apropiados, para extraer rápidamente las singularidades y anormalidades que definirían cualquier error en la teoría. Al acelerar este proceso, los ordenadores podrían facilitar el desarrollo de teorías superiores creadas por científicos humanos. En esencia, los ordenadores estarían realizando todo el trabajo engorroso estadístico y de datos,

permitiendo que los biólogos se ocupasen de la teoría del funcionamiento de los sistemas.

El uso más efectivo y prometedor de la computación en el campo de la biología no es como demostradora de teoremas, sino como rebatidora de éstos; dicho de otro modo, los ordenadores dirigirán el desarrollo de nuevas teorías a un ritmo acelerado sin precedentes. Aunque el hombre no se sienta cómodo permitiendo que los ordenadores demuestren las teorías que definen su mundo, sí que es aceptable situarlo en una relación simbiótica, en la que los ordenadores serán los “correctores teóricos” que indicarán los errores cometidos al transcribir las reglas del universo.

Trabajos **citados:**

Lederberg, Joshua, “Afterword: The Anti-Expert System -- Thirteen Hypotheses an AI Program Should Have Seen Through”, en *Artificial Intelligence and Molecular Biology*, editado por Lawrence Hunter (Cambridge, MA: MIT Press, 1993), págs. 459-463.

Lenoir, Timothy, “Shaping Biomedicine as an Information Science”, en *Proceedings of the 1998 Conference on the History and Heritage of Science Information Systems*, editado por Mary Ellen Bowden, Trudi Bellardo Hahn y Robert V. Williams (Medford, N.J.: Information Today, Inc., 1999), págs. 27-45.

