

Metabolismo, comunicación y evolución en redes bacterianas y tecnológicas

De la biosfera a la tecnosfera, un ensayo sobre la autonomía y la evolución de código abierto

Xabier Barandiaran
Lluís Guiu

Autonomía Situada
(independent research center)
<http://sindominio.net/autonomiasituada>

versión 0.5
1 Abril 2004

Resumen

La estructura microcósmica del metabolismo y la comunicación en la *biosfera* (especialmente en relación a las redes bacterianas) ofrecen metáforas o herramientas conceptuales para entender los procesos autoorganizativos de las redes cooperativas en la *tecnosfera*. Partimos del análisis del origen y expresión mínima de la vida como fusión entre sistemas autónomos y estructuras formales (*template*). Esta fusión entre un sistema dinámico automantenido (autónomo) y estructuras moleculares recombinables da lugar al origen de la información en la naturaleza: la información genética. Si entendemos por comunicación la transmisión de información entre dos sistemas autónomos (capaces de interpretación), las redes bacterianas de transferencia genética horizontal constituyen el primer ejemplo de una red de comunicación global: un sistema de evolución abierta cooperativa responsable del mantenimiento de la mayor parte del ecosistema planetario y de la mayor red de innovación biotecnológica que conocemos. No es por tanto descabellado proyectar (de la *biosfera* a la *tecnosfera*) este marco teórico para reconceptualizar el desarrollo tecnológico humano y redescubrir la autonomía tecnológica, las comunidades de desarrollo de software libre y las redes electrónicas de intercambio de información como fundamentos de autoorganización social cooperativa.

Palabras Clave

Transferencia genética horizontal, autonomía, metabolismo, información, comunicación, software libre, código abierto, redes bacterianas, algoritmos genéticos, redes de innovación tecnológica.

Copyright © 2004 Xabier Barandiaran y Lluís Guiu. **COPYLEFT**: todos los derechos del revés:

Se permite la copia, distribución, uso y puesta a disposición de la obra, siempre y cuando se reconozca la autoría y no se use la obra con fines comerciales —a no ser que se obtenga permiso expreso de los autores. Los autores permiten distribuir obras derivadas de esta sólo si mantienen la misma licencia. Esta nota no es la licencia completa de la obra sino una traducción de la nota orientativa de la licencia original completa que puede encontrarse en:

<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/1.0/legalcode>

Introducción*

Nuestro cosmos está construido sobre un tejido tecnológico que sustenta los procesos comunicativos económicos, culturales, científicos, gubernamentales, etc. que definen las sociedades del conocimiento. Se constituye así una tecnosfera atravesada por flujos de información e innovación, una red global de desarrollo permanente en la que se despliegan grandes fuerzas productivas. Una red, en definitiva, de artefactos y dispositivos que operando recursivamente sobre sí mismos transforman irreversiblemente nuestro entorno penetrando profundamente en la forma en que construimos sociedad y nos conocemos a nosotr*s mism*s. La tecnosfera se está convirtiendo en un macrocosmos de complejidad creciente, difícilmente comprensible, amenazando con desplazar la capacidad humana de definirse a sí mismo, su propia autonomía. Es ya lugar común de reflexión subrayar que vivimos en formas de economía social que han puesto a trabajar a la comunicación y con ella a los procesos de producción de identidad individual y colectiva (símbolos, afectos, atención, inteligencia, creatividad, etc.), entrelazando así la autonomía humana (nuestra capacidad de redefinir constantemente los horizontes de la acción y la autocomprensión) con la producción global inmaterial a través de interfaces TIC (tecnologías de la información y la comunicación). En este contexto dos modelos productivos luchan por definir el paisaje económico. Por un lado los modelos económicos basados en el código cerrado y la restricción de libre circulación del conocimiento; i.e. el cercamiento de la comunicación para generar una escasez que impulse un proceso evolutivo de innovación por competición (con el consiguiente recorte de libertades, producción de dependencias funcionales tecnológicas, surgimiento de monopolios, explotación social no remunerada, etc.). Sus dispositivos principales son el copyright restrictivo, las patentes, las sociedades de autor, el modelo de desarrollo de software de propietario, las tecnologías anticopia, etc.. Por otro lado encontramos los modelos de producción basados en el código abierto, la libre circulación del conocimiento y la creación de recursos colectivos para una producción distribuida, cooperativa y auto-organizada en base a principios evolutivos no excluyentes; es el modelo del copyleft, el software-libre, la cultura popular, el conocimiento científico, etc.

Una mirada al microcosmos nos revela herramientas conceptuales para reorientar nuestra acción en este cosmos tecno-informacional. Y es que las redes bacterianas inventaron internet mucho antes que nosotros (Guiu 2003), el primer sistema global de

* Este artículo está basado en una conferencia de **Autonomía Situada** que tubo lugar el 22 de Octubre del 2003 en el centro cultural Conde Duque de Madrid con motivo de la exposición *Metabolismo y Comunicación* realizada por el Medialab Madrid. La conferencia titulada "Cooperación sin Mando: Código abierto y bacterias" estaba compuesta de dos partes complementarias. Una primera (impartida por Xabier Barandiaran) en torno al origen de la vida, la evolución y el mundo bacteriano, y una segunda parte (impartida por Miquel Vidal) en la que se profundizó en el modelo de desarrollo y la estructura de la comunidad del software libre. Recogemos en este ensayo una elaboración de la primera parte de aquella conferencia y desarrollamos, a continuación, una breve introducción al mundo del software libre. Por tanto, igual que en la conferencia original, este artículo está pensado para completar su lectura con el artículo de Miquel Vidal "Cooperación sin mando. Una introducción al software libre" publicado en la biblioweb de SinDominio.net:

<http://sindominio.net/biblioweb/telematica/softlibre/>

comunicación que produjo la mayoría de las herramientas biotecnológicas conocidas y que construyó y mantiene la biota hasta nuestros días. Las bacterias descubrieron un proceso colectivo de evolución abierta horizontal y cooperativa, un proceso en el que se mezclan comunicación y metabolismo, transferencia de información y autonomía: las redes de transferencia genética horizontal. La capacidad de estas redes de aumentar la complejidad adaptativa de los individuos que las componen y de auto-regular su entorno (a escala planetaria) es asombrosa y sólo comparable a la evolución vertical darwiniana.

La tecnosfera ha conocido y alberga un proceso parecido al de la biosfera microcósmica bacteriana: se trata de la red de intercambio de código libre que constituye la comunidad del software libre (y en sentido más amplio a la comunidad copyleft), un proceso en el que autonomía individual y desarrollo colectivo-cooperativo van de la mano.

Autonomía e información

Comprender los procesos que constituyen esa red de transferencia genética horizontal bacteriana exige primero analizar la estructura de los procesos metabólicos e informacionales que generan la vida. Podemos empezar con la hipótesis de que el origen de la vida es la fusión entre dos tipos de estabilidad: la de los sistemas dinámicos autoorganizados (sistemas autónomos o autopoieticos) y la de las formas o plantillas (templates) replicantes (ADN-ARN). Los primeros son sistemas alejados del equilibrio termodinámico, los segundos estructuras energéticamente estables sujetas a recombinación. La fusión de ambas formas de estabilidad da lugar al concepto de información (información genética) y por tanto constituyen, también, las bases biológicas del origen de la comunicación.

La forma en que ambos tipos de estabilidad se fusionan es crucial para entender el fenómeno de la información y la comunicación. Una forma de fusión (la de procesos dinámicos interpretativos y la de registros recombinables) que está tan presente en nuestra vida cotidiana cuya complejidad y origen se nos han hecho transparentes. Detengámonos, pues, a analizar detenidamente los detalles de este “cierre semántico” (como lo bautizó el biofísico Howard Pattee) que se encuentra en las raíces del surgimiento de la vida y la comunicación en el universo.

Sistemas autónomos

Los sistemas autónomos son sistemas dinámicos (su estructura depende de la velocidad relativa entre los componentes del sistema), termodinámicamente abiertos y alejados del equilibrio: esto quiere decir que necesitan un flujo constante de materia y energía para mantener su estructura. La naturaleza de estos sistemas fue estudiada por el químico y premio nobel Ilya Prigogine que acuñó el término “estructuras disipativas” para referirse a los patrones estables que surgen de la organización de los procesos termodinámicos alejados del equilibrio. Se dice que estos sistemas se *autoorganizan* porque el orden que presentan se origina en la interacción recurrente entre sus componentes y en el flujo termodinámico que los atraviesa y no está impuesta desde fuera; pequeñas fluctuaciones microscópicas se acoplan en ciclos de retroalimentación para generar un patrón global cohesivo (estable frente a perturbaciones internas y externas). Ejemplos de estos

sistemas son las células de Benard (pequeñas vesículas hexagonales que se forman espontáneamente cuando un líquido es calentado de forma desigual en sus superficies superior e inferior), los remolinos de viento y los tornados o los láseres (en los el movimiento de una masa crítica de electrones se sincroniza generando un rayo de fotones intenso).

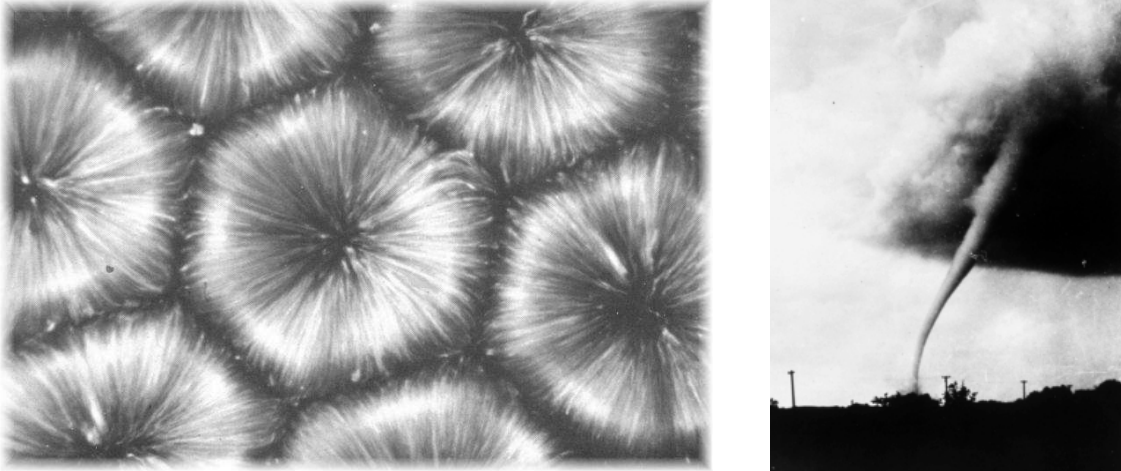


FIGURA 1: Ejemplos de estructuras disipativas autoorganizadas: células de convección de Benard (izquierda) y un tornado (derecha).

Pero además la naturaleza de los sistemas autónomos es tal que se automantienen *activamente*, es decir, se autorregulan internamente e interactúan con el entorno para mantener el flujo (absorción y disipación) de energía y materia necesarios para su mantenimiento. Técnicamente son sistemas que controlan sus condiciones de contorno y generan las constricciones necesarias para su automantenimiento.

La tradición cibernética en filosofía de la biología (Maturana & Varela 1980) ha defendido que el origen de la vida se encuentra en una noción similar que puede ayudar a aclarar el término de sistemas autónomos. Se trata de los sistemas *autopoiéticos* (del griego auto-construcción). Un sistema autopoiético es una red de procesos de producción (síntesis y destrucción) de componentes, de tal manera que estos componentes:

1. continuamente regeneran y realizan la red que los produce, y
2. constituyen el sistema como una unidad distinguible en el dominio en que existen

Ejemplos de sistemas cercanos a los autopoiéticos son las redes autocatalíticas (Kauffman 1993) en las que una red de procesos químicos produce los catalizadores para sus propios procesos, generando así un bucle retroalimentado de procesos químicos automantenidos, circuitos cerrados en los que los productos de ciertas reacciones químicas se acoplan acelerando otros procesos que a su vez actúan sobre los primeros. Si una red autocatalítica se encuentra envuelta en una membrana de lípidos que la separa de su entorno y es capaz de reparar y generar esa membrana ya estaremos más cerca de un sistema autopoiético mínimo. Experimentos *invitro* para crear estas formas mínimas de

sistemas autopoieticos han sido realizadas con éxito por el grupo de investigación de Pier Luigi Luisi en el instituto tecnológico federal de Zurich¹.

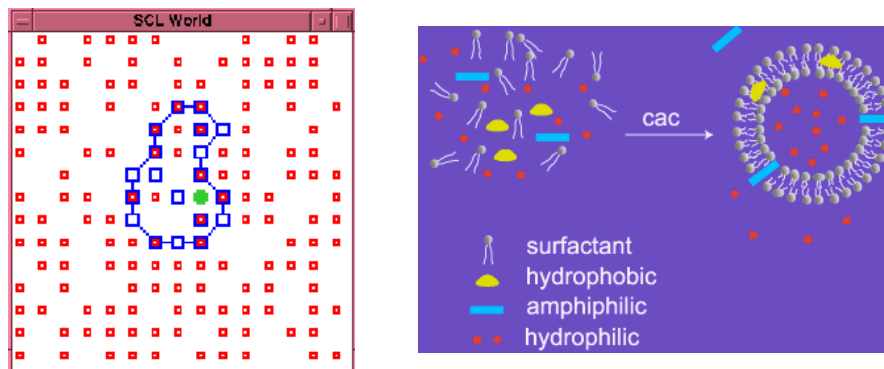


FIGURA 2: A la izquierda el modelo autopoietico computacional de McMulling & Varela (1997) y a la derecha vesículas autopoieticas mínimas de Luisi.

El concepto clave que define a los sistemas autónomos es el de autoorganización y autoconstrucción: procesos físico-químicos que se producen y se mantienen a sí mismos recursivamente e interactuando con su entorno para asegurar el flujo de materia y energía necesarios para mantener su estructura alejada del equilibrio (Ruiz-Mirazo & Moreno 2000). La teoría de sistemas autónomos básicos hace referencia, en definitiva, al **metabolismo** (Boden, 1999), a los ciclos e hiperciclos termodinámicos que acoplados entre sí mantienen la estructura de los sistemas vivos; en otras palabras los sistemas autónomos son sistemas capaces de encauzar la energía del entorno para producir el trabajo necesario que asegure su estructura alejada del equilibrio.

Moldes y estructuras replicables.

Por otro lado en la tierra pre-biótica es de suponer que existieran también moldes o estructuras replicables que llamaremos templates. Los *templates* son estructuras físicas termodinámicamente estables o energéticamente degeneradas. Esto quiere decir que su estructura se mantiene estable sin necesidad de un flujo termodinámico que las atraviese y que tienden a desintegrarse a un ritmo comparativamente muy inferior al de los sistemas autónomos. Además los templates muestran un orden recombinable, están compuestos de partes cuyas recombinaciones son igualmente estables y por tanto energéticamente equiprobables. Los templates no tienen agencialidad (no tienen que ser activos para mantener su propia estructura —son termodinámicamente cerrados) pero la recombinabilidad de sus componentes los hace propicios como vehículos de información (en sentido de Shannon): gracias a su recombinabilidad digital y su estabilidad molecular permiten una copia y variabilidad estructural. Ejemplos de estas estructuras fácilmente replicables son el ADN y el ARN.

¹ Para una reciente síntesis de su trabajo ver Szostak, Bartel & Luisi 2001 o consultar <http://www.pluisi.org>

Mal llamados *autorreplicantes* por algunos biólogos (Dawkins 1976) los templates se han considerado (en las teorías gen-centristas) el origen de la vida al margen de los sistemas autónomos. Según la teoría del Mundo ARN (*RNA world*) las estructura “autorreplicantes”, sometidas a la presión selectiva de la escasez de recursos moleculares para su reproducción, empiezan a generar estrategias reproductivas cada vez más complejas creando envoltorios (cuerpos, colonias, etc.) cuyas conductas predeterminan de forma egoísta para asegurar su replicación diferencial a escala evolutiva. Pero el término replicante genera una ilusión de autonomía ya que la estructura supuestamente “autorreplicante” es realmente reproducida por un entorno que la toma como molde. En este sentido (a diferencia de los sistemas autónomos) en los moldes no existe una identidad dinámica de la que pueda derivarse un egoísmo o una auto-replicación. Es más, los numerosos experimentos invitro que han intentado reproducir los orígenes de la vida en base a estructuras o moldes replicables han fracasado a la hora de generar estructuras dinámicas (metabólicas) complejas. En lugar de generar una organización dinámica de complejidad creciente (como la que se observa en la biosfera) la tendencia es la de una reducción al máximo en la secuencia que compone la estructura replicable, para permitir que su replicación sea más rápida y abundante. Es el caso de los famosos experimentos de Sol Spiegelman en los 60 en los que consiguió demostrar la posibilidad de replicación de RNA sin metabolismo. Spiegelman y sus colaboradores introdujeron en una cubeta ARN molde del virus Q_β así como la replicasa de Q_β junto a varios monómeros. La mezcla produjo un crecimiento exponencial del ARN molde. Además el ARN molde era diferente al original y las repeticiones del experimento daban siempre el mismo resultado final. En la cubeta se estaba dando un proceso evolutivo de selección de templates que (bajo las condiciones experimentales establecidas) daba lugar a una forma final de ARN molde adaptado que vino a llamarse el “monstruo de Spiegelman”. Sin embargo después de 74 generaciones el experimento se “estanca” en este punto: de las alrededor de 4500 bases que componían el ARN molde original del virus Q_β el resultado “evolutivo” era siempre el mismo, un “monstruo” replicante de tan sólo 220 bases nucleótidas. Eigen (Eigen et. al. 1981) repitió los experimentos en 1974 y llegó incluso a sintetizar ARN *de novo*. Pero los resultados de la selección replicante del ARN molde era siempre una cadena mínima de entre 150 y 250 nucleótidos. La selección natural cuando opera en base a estructuras replicables tiende a reducir la complejidad de las moléculas molde, no a aumentarla y, desde luego, es difícil imaginarse cómo pueden surgir organismos o sistemas metabólicos a partir de moldes replicables simplificados al máximo. En efecto la replicación de estructuras molde estables puede ser una condición necesaria para la aparición de vida en la tierra, pero desde luego no es una condición suficiente. Será necesaria la fusión entre sistemas autónomos y templates para comprender el origen de la vida y el surgimiento de la información en la naturaleza.

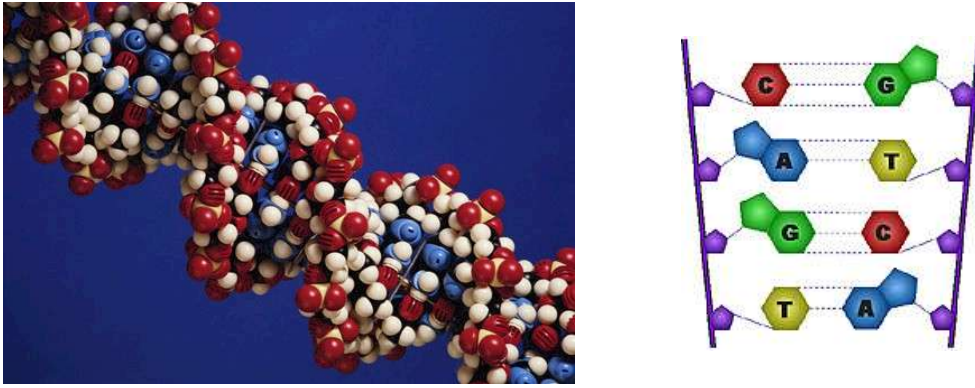


FIGURA 3: *Representación tridimensional de una molécula de ADN (izquierda) y estructura recombinable de los nucleótidos del ADN (derecha).*

El concepto de información y el origen de la vida

Un error conceptual muy común en las sociedades de la información (en las que el concepto de información se ha hecho transparente y aproblemático) es concebir la información como paquetes que contienen *en sí mismos* un significado o una semántica propia (absoluta, objetiva y aislada de un contexto de interpretación). Estamos tan sumergidos en el espacio informacional que hemos cosificado la información. Ésta se nos aparece como un objeto más a nuestro alcance: sujeto a compra, venta, copia, modificación, almacenamiento... , y no nos damos cuenta de que la información es una propiedad relacional entre un significante (un símbolo, una señal, un registro) y un intérprete. Sin embargo, la información no es algo que se encuentra *en* el registro, *en* el significante o *en* la señal que es lo que realmente manipulamos, compramos, vendemos o almacenamos. Por el contrario la información, el significado (o el contenido semántico) surge precisamente en el momento en que es interpretado por otro sistema. Sólo cuando son leídas las letras que componen un libro empiezan sus personajes a cobrar vida, sólo cuando un sonido llega a nuestros tímpanos y es interpretado por nuestro sistema nervioso deviene el sonido palabra y surge un significado que es reconstruido en nuestro sistema nervioso a partir de una señal sonora. A un significante pueden atribuírsele un conjunto indefinido de significados ya que el significado (el contenido informacional) no es algo que le pertenezca al significante en sí. Pero mientras que el significante (el registro: letra, marca, grafo, molécula, etc.) tiene una realidad física palpable y directamente accesible no está muy claro a qué nos referimos con “sistema interpretante”; éste queda relegado a una especie de realidad difusa, abstracta, de tipo histórico, cultural, social o psicológico.

En nuestra comprensión física de la naturaleza no existe la información. La física como disciplina científica no incluye la información como magnitud, ley, partícula o proceso ni puede derivarse directamente de ninguno de sus principios fundamentales. ¿Cómo explicar pues el surgimiento de la información? Una posibilidad es recurrir a una instancia espiritual superior en la que residan las propiedades semánticas de la materia

(consciencia, espíritu, etc.) o introducir una unidad informacional como primitivo teórico en la física (como ha propuesto recientemente el filósofo de la mente David Chalmers — 1995). Otra alternativa, más razonable, es acudir a la forma más básica de información en la naturaleza e interrogarla desde ese momento originario en el que surge: analizar a partir esa estructura fundamental que es la información biológica (mucho más cercana a procesos físicos y químicos bien conocidos).

El surgimiento de la información en biología está fuertemente unido al origen y definición de la vida: se trata precisamente del acoplamiento entre sistemas autónomos básicos y estructuras replicables o templates (Ruiz-Mirazo, Peretó & Moreno 2003). Los dos tipos de estabilidad descritos anteriormente (autonomía y template) se requieren mutuamente para dar lugar a la información biológica: los template almacenan registros energéticamente estables y por tanto heredables (que se transmiten entre generaciones y entre individuos). Los sistemas autónomos, a su vez, generan y sostienen las condiciones físico-químicas para la reproducción molecular de los templates y definen un dominio de existencia en constante interacción con el entorno. Además el sistema autónomo es capaz de interpretar el código genético y, tomando como molde el ADN, producir proteínas que se insertarán funcionalmente en el conjunto del metabolismo. En el caso del ADN, el código genético es, como todo código, una convención: no hay relación necesaria entre la secuencia de aminoácidos que compone una proteína y los codones del ARN que la codifican. En concreto hay un proceso de decodificación que lleva a cabo la enzima (aminoacil-tRNA sintetasa) que es la que establece esa relación entre nucleótidos y aminoácidos. El código genético podría haberse "congelado históricamente" de otra manera. Lo interesante de la vida y la biosemiótica es que el ADN codifica también la enzima aminoacil-tRNA sintetasa, es decir, codifica su propia condición de decodificación. El significado surge cuando la proteína resultante de la decodificación del ADN se pliega y se integra funcionalmente en los procesos de automantenimiento y adaptabilidad del sistema². Este es el cierre semántico (Pattee 1995) que da origen a la información semántica en la historia natural y por tanto la forma fundamental y originaria sobre la que metabolismo (autonomía) y comunicación se dan la mano.

2 En términos generales para que una estructura sea informacional hace falta un sistema dinámico autosostenido que lo interprete y lo haga funcional *para sí mismo*.

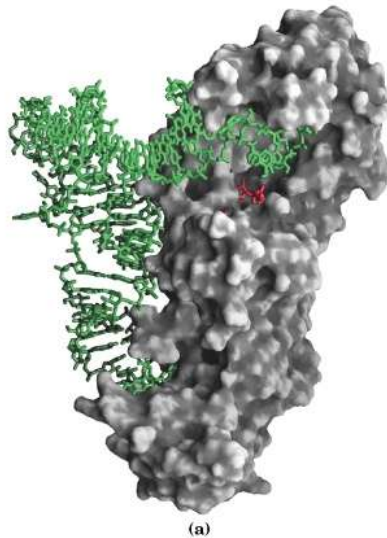


FIGURA 4: *Representación tridimensional de la enzima aminoacil-tRNA sintetasa interpretando una secuencia de ADN.*

Las proteínas producidas tomando el ADN como molde regulan la dinámica metabólica del sistema autónomo en virtud de sus propiedades catalíticas. La introducción de un template que instruye los procesos dinámicos del sistema autónomo permite así superar el umbral de complejidad de una organización puramente dinámica (limitada en su capacidad organizativa por el tamaño y las interferencias entre sus procesos bioquímicos, así cómo de sus capacidades de reproducción reteniendo complejidad organizativa —Moreno & Ruiz-Mirazo 2002). El template como registro que es interpretado por el sistema autónomo permite guardar información sobre la estructura del sistema y transmitir esa información evolutivamente. A su vez la fusión de los templates con los sistemas autónomos ha permitido superar el umbral de complejidad autorreplicante y aumentar la complejidad secuencial de las cadenas de ADN. Surge así la vida en su expresión más fundamental y originaria: la célula. A partir de aquí la fusión entre secuencias molde y sistemas autónomos dará lugar (a través de la transmisión informacional de la estructura bioquímica funcional de los sistemas autónomos) a un proceso histórico y colectivo: la evolución.

Evolución

La información permitió el desarrollo de formas complejas de vida a través de un proceso que denominamos evolución abierta. Un proceso de variación y retención selectiva de estructuras codificadas que va generando una creciente complejidad en las formas de automantenimiento y, a su vez, en las secuencias moleculares que las especifican (el ADN).

En este sentido existen dos tipos fundamentales de evolución: por herencia vertical y por transferencia horizontal³. La vertical o darwiniana es quizás la más conocida: la

³ Existen también otros mecanismos evolutivos especialmente relevantes para explicar las principales transiciones en la historia evolutiva: entre ellos la simbiosis (de la que también saben mucho las bacterias).

variación sucede por recombinación en la reproducción y/o por mutaciones aleatorias, la selección retentiva se manifiesta en el diferencial reproductivo de cada individuo, es decir, en su capacidad efectiva de reproducción en comparación con el resto de los individuos de la población y los recursos ecológicos que comparten. La evolución por herencia vertical permite trazar un árbol genealógico de las variaciones genéticas retenidas y sus respectivos linajes y recorrer así el camino de vuelta hasta nuestros orígenes evolutivos. De acuerdo a Woese (2002) sin embargo, las raíces del árbol filogenético universal no existirían: en su lugar una charca de material genético compartido entre innumerables células en evolución cooperativa. Se trata de la evolución por transferencia genética horizontal (TGH) en la que la variación sucede por transferencia de material genético entre iguales (no entre generaciones): las bacterias, seres vivos unicelulares, intercambian su código genético.

Según la teoría neodarwinista las mutaciones son el origen y causa directa del cambio evolutivo, pero no son en absoluto el mecanismo de fijación del cambio. Lo que fija unos cambios y elimina otros es la selección natural. Puede nacer una gacela con algún tipo de gen ventajoso, pero si justo al levantar la cabeza se la come un depredador, adiós mutación ventajosa. Hacen falta múltiples generaciones para que vía selección natural, se fije una mutación evolutivamente hablando. La transferencia horizontal no encaja en absoluto en este esquema, ya que es en sí misma un mecanismo de fijación del cambio. La selección natural actúa después de haberse fijado el cambio. Por ejemplo, en el caso de la resistencia a antibióticos, las secuencias de ADN/ARN utilizadas para hacer frente a un antibiótico no se fija por reproducción diferencial de la bacteria que tenga el gen adecuado, sino porque esta bacteria tiene además la capacidad para enviar cientos de miles de copias de la secuencia genética al medio. Se genera, así, un proceso masivamente paralelo y distribuido en que se reparten innumerables copias de un gen de resistencia y en el que las bacterias receptoras pueden incorporar a su metabolismo el nuevo gen al momento. Esto sucede gracias a la flexibilidad bacteriana a nivel de estructura genética que permite absorber nueva información genética sin provocar una crisis organizativo-metabólica.

En el caso de la TGH se trata de un mecanismo evolutivo en el que se fusionan comunicación y metabolismo; un mecanismo evolutivo en red que conecta a los más abundantes, los primeros y más importantes seres vivos del planeta: las bacterias. Como bien señala Woese la evolución celular no pudo ser de otro modo:

“Evolving the cell requires evolutionary invention of unprecedented novelty and variety, the likes of which cannot be generated by any familiar evolutionary dynamic. The task can be accomplished only by a collective evolution in which many diverse cell designs evolve simultaneously and share their novelties with one another; which means that (i) HGT (and a genetic lingua franca) is a necessary condition for the evolution of cell designs, and (ii) a cell design cannot evolve in isolation; others will necessarily accompany it.” (Woese, 2002: 8745).

Cooperación sin mando, redes bacterianas evolutivas

Al hablar de bacterias lo primero que tenemos que hacer es quitarnos de la cabeza su mala reputación. Lo cierto es que la imagen pública de la bacteria se parece mucho a la del hacker: salen a la luz pública sólo aquellos que producen males o amenazan el poder

de ciertos organismos (sean éstos biológicos o institucionales) y se consideran por tanto patógenos. Sin embargo la inmensa mayoría trabajan silenciosamente por mantener la biosfera y la tecnosfera funcionando. Para hacernos una idea de la magnitud de nuestra dependencia de las bacterias baste decir que "nuestros cuerpos se componen de mil billones de células animales y de *cien* mil billones (100 000 000 000 000 000) de células bacterianas." (Margulis & Sagan 1987: 85).

Entre otras cosas debemos a las bacterias la invención del sexo, la respiración, la fotosíntesis y la mayoría de las técnicas de ingeniería genética que constituyen la vida hoy en día tanto dentro como fuera de los laboratorios biotecnológicos. "Por medio de constantes y rápidas adaptaciones a las condiciones ambientales, los organismos del microcosmos son el pilar en que se apoya la biota entera, ya que su red de intercambio global afecta, en última instancia, a todos los seres vivos del planeta" (Margulis & Sagan 1987: 50). Las bacterias también son responsables de la fijación y mantenimiento de la atmósfera (que mantienen en equilibrio químico—entre otras cosas las bacterias fijaron el Nitrógeno), de la descomposición de cuerpos orgánicos y la fijación de los grandes yacimientos de oro y hierro en la tierra. En general las bacterias mantienen la diversidad bioquímica de la que dependemos el resto de los organismos vivos: "las bacterias forman un sistema regulador planetario cuyo efecto específico es estabilizar las proporciones de gases atmosféricos reactivos y cuyo resultado general es mantener la Tierra habitable." (Margulis & Sagan 1987: 110).

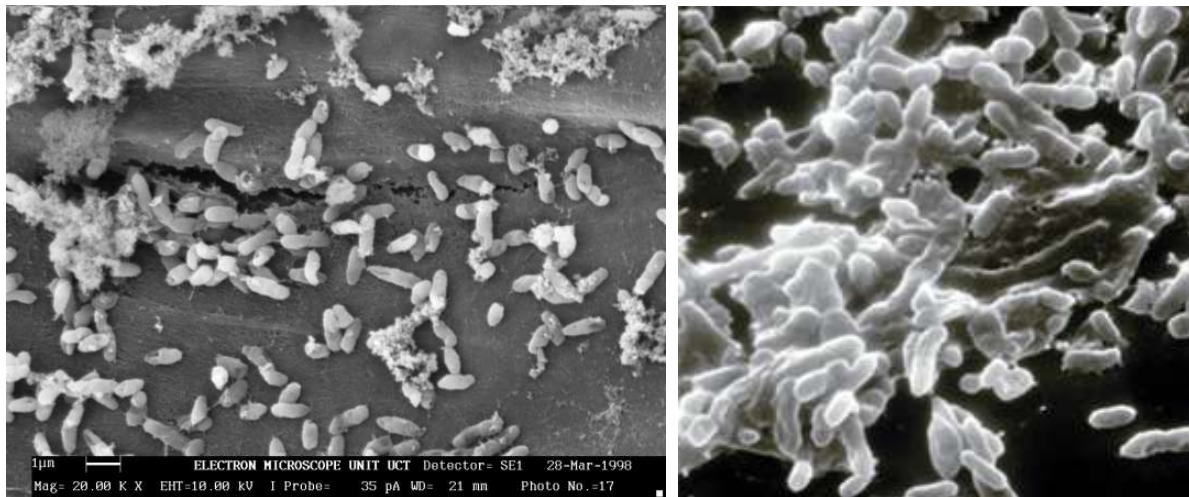


FIGURA 5: Fotos de bacterias a través del microscopio electrónico.

Características de las redes bacterianas

Como hemos adelantado anteriormente las redes de intercambio genético horizontal entre bacterias permite un tipo de evolución cooperativa muy diferente a la darwiniana. Conviene adentrarse en algunas características específicas de estas redes (como redes de intercambio de código abierto) para comprender su funcionamiento y su alcance evolutivo.

La comunicación bacteriana se constituye básicamente a través de tres mecanismos fundamentales de transmisión genética (Láñez Pareja, 1998):

- **Conjugación:** La conjugación bacteriana es el proceso de transferencia de información genética desde una bacteria donadora a otra receptora, promovido por determinados tipos de plásmidos. En este proceso, se crea un tubo que conecta a las dos bacterias, a través del cual la donante transfiere una copia de su ADN, sustituyendo parte del ADN de la receptora.
- **Transducción:** En este caso la transmisión de código genético de una bacteria a otra, se produce de forma indirecta a través de un intermediario, usualmente virus bacteriófagos que inyectan código genético en las bacterias receptoras. El ADN vírico se integra en el ADN bacteriano, y se expresará dependiendo de la naturaleza del virus.
- **Transformación:** En la transformación, el ADN que ha sido liberado en el entorno por bacterias muertas, es captado y integrado en el ADN de una bacteria receptora.

Mediante estos mecanismos cualquier bacteria puede compartir información genética con cualquier otra (aunque sean de cepas independientes). Tanto es así que el concepto de especie no puede aplicarse a las bacterias. En palabras de Margulis: "Cualquier bacteria es un organismo, una entidad capaz de llevar la ingeniería genética a escala global o planetaria". Lo interesante de esta forma de organización colectiva es que **no** hay mando central, se trata de un proceso distribuido (no hay una posición privilegiada de control en toda la red) y en paralelo (se dan muchas transmisiones genéticas al mismo tiempo).

El resultado es una evolución colaborativa (no competitiva excluyente) ya que el intercambio es horizontal dentro de la misma generación (no sólo entre generaciones) por lo que las bacterias no necesitan esperar a la siguiente generación para expresar la variación genética: pueden interpretar directamente el ADN y producir las proteínas que ésta codifica.

Adaptativamente hablando es importante subrayar que lo que se transmite en las redes no son las soluciones directas a un problema metabólico o adaptativo (como pudiera ser la transferencia directa de proteínas, oxígeno, azúcares, etc.—algo común en los multicelulares) sino las *instrucciones para producir esa solución*. Esto quiere decir que el mecanismo evolutivo de transferencia genética horizontal no genera dependencias funcionales entre sistemas autónomos (bacterias); aunque estas dependencias funcionales puedan aparecer a otros niveles. En este sentido las redes bacterianas son verdaderas redes de transferencia de código abierto: es decir una red de intercambio de instrucciones de soluciones ejecutables por cualquier miembro de la red. Instrucciones que, a diferencia de lo que sucedería en una red de transmisión de soluciones finales inmodificables, pueden ser modificadas y copiadas fácilmente generando un proceso colectivo de adaptación. En otras palabras: **la autonomía metabólica y adaptativa de las bacterias (sistemas vivos mínimos) es amplificada a través de una red de comunicación (TGH) en la que estructuras molde (*templates*) son transferidas e interpretadas por los sistemas autónomos que ellas mismas codifican.**

Además el funcionamiento global de las redes bacterianas se basa en el reciclaje y

en la compatibilidad y regulación de recursos ecológicos transformando el ambiente para crear condiciones colectivas de supervivencia, una especie de estigmergia biotecnológica en la que la transformación del entorno por algunas bacterias genera recursos bioquímicos que a su vez son explotados por otras que a su vez transforman el entorno....

Todo esto da lugar a un proceso que, lejos de someter la autonomía individual de las bacterias a un bien colectivo, permite un aumento ilimitado de la autonomía metabólica individual **a través** de la TGH y de los efectos globales que las redes bacterianas generan en el entorno.

Trabajo en equipo

Las bacterias funcionan también en equipos en los que se da una espontánea división del trabajo ya que el material genético que almacena una única bacteria no es siempre suficiente para generar sus condiciones de automantenimiento: así las bacterias se alían en grupos que producen enzimas y compuestos colaborativamente:

"Debido a que su reducido número de genes la hace deficiente en sus capacidades metabólicas, una bacteria equivale necesariamente al jugador de un equipo; en la naturaleza nunca funciona como un individuo único. En cambio en cualquier nicho ecológico dado conviven equipos de varios tipos de bacterias, respondiendo y reformando el medio ambiente, al contribuir cada uno con enzimas complementarias. Los distintos tipos de bacterias del equipo, presente cada uno con numerosos ejemplares, coordinan la liberación de sus enzimas según las fases de un proceso. Sus ciclos vitales se entrelazan y los productos residuales de un tipo sirven de nutrientes al siguiente. Las bacterias, actuando cada tipo distinto como una rueda de un engranaje, ocupan su medio ambiente y lo alteran radicalmente. En cantidades enormes y variables, realizan tareas que individualmente no podrían llevar a cabo." (Margulis & Sagan 1987: 107)



FIGURA 6: Formaciones fractales de colonias bacterianas.

Los comportamientos que emergen a nivel colectivo son claves para entender el mundo bacteriano. No podemos entender a las bacterias analizándolas a nivel puramente individual, sino que debemos fijar especialmente nuestra atención en sus

comportamientos grupales. En los comportamientos que emergen bottom-up (de abajo-arriba), de la interacción y comunicación de proceso masivamente paralelo y distribuido, siguiendo reglas simples pero muy especiales, y que pueden ser explicados a través del concepto de fenómeno emergente, que permite superar las posibles confusiones entre nivel individual y colectivo⁴.

En definitiva, las bacterias, en la realización de su metabolismo y en el intercambio genético, provocan dos fenómenos extraordinarios: a) realizan una red evolutiva horizontal que aumenta la autonomía de cada una de la bacterias al tiempo que permite una adaptabilidad y una robustez colectiva sin precedentes; y b) generan un entorno de recursos colectivos que sustenta a todo el planeta. Y todo esto de forma paralela, distribuida, cooperativa y sin mando.

Evolución bacteriana y tecnologías de vida artificial

La evolución bacteriana por transferencia genética horizontal es tan exitosa que ha empezado a implementarse en tecnologías de vida artificial para diseñar sistemas complejos.

Furuashi y otros (1994) se inspiraron en el mecanismo bacteriano denominado transducción para su aplicación en la robótica, concretamente en la búsqueda de reglas difusas para que un robot pudiera evitar obstáculos. Inman Harvey de la Universidad de Sussex publicó en 1996 lo que denominó "algoritmo evolutivo microbiano" basándose en la conjugación bacteriana (Harvey 1996). Borges y Costa introdujeron en 1999 la transposición como nuevo operador genético (Borges & Costa 1999) para los algoritmos genéticos (algoritmos evolutivos artificiales —GA de ahora en adelante: *genetic algorithm*). La idea básica es que el intercambio de instrucciones exitosas para la solución de un problema (evolución bacteriana) puede resultar en un mecanismo evolutivo más eficaz y rápido que guardar esas instrucciones para alcanzar un mayor éxito reproductivo comparativo (evolución darwiniana). A partir de la formalización abstracta (en forma de algoritmos y operadores genéticos) de estos principios evolutivos inspirados en las redes bacterianas no han dejado de aplicarse a entornos de programación y de robótica evolutiva. Así, recientemente, Kubik (2003) lo ha usado recientemente para desarrollar el aprendizaje en una comunidad de robots.

4 Disponemos de modelos de vida artificial que permiten entender de forma diáfana(e interactiva) como se desarrolla un fenómeno emergente (FE) ya que lo reconstruyen y permiten variar las condiciones en que se desarrolla. Es el caso del paradigmático modelo de formación de bandadas virtuales de avoies de Craig Reynolds, que ha inspirado decenas de implementaciones: <http://www.red3d.com/cwr/boids>. Otro ejemplo de FE del que disponemos de modelos informáticos son los atascos de tráfico, que ilustran las diferencias entre los comportamientos de nivel grupal del atasco de tráfico y el nivel individual de cada uno de los agentes que forman ese grupo los vehículos. Si uno observa este peculiar automáta celular on-line que simula el tráfico de vehículos (<http://rcswww.urz.tu-dresden.de/helbing/RoadApplet>) podrá percibirse de que mientras los vehículos se mueven hacia delante, los atascos de tráfico que se producen, el FE resultante de observar esos mismos vehículos a nivel global como un bloque, se mueven hacia atrás.

La simbiosis entre evolución bacteriana y vida artificial nos permite implementar soluciones algorítmicas inspiradas en las redes bacterianas, y al mismo tiempo, en un bucle que se retroalimenta incesantemente, nos permite comprender mejor las *tecnologías* del mundo bacteriano.

Otros modelos de VA permiten también adentrarse en la comprensión de los mecanismos que operan en las redes bacterianas. Es el caso de los autómatas celulares que, cada vez más observados como máquinas virtuales de proceso masivamente paralelo, descentralizado y discreto, representan también una vía interesante de comprensión del mundo celular y bacteriano como muestra Capcarrere (2002).

Estamos ante un panorama prometedor que abre nuevas vías de investigación, sin olvidamos que estamos aún en las primeras fases de comprensión de la evolución en las redes bacterianas. En este sentido, debemos resaltar las cuestiones que nos plantea el trabajo de Ben-Jacob y Shapiro. Ben-Jacob se pregunta sobre cómo deben funcionar estas redes, que denomina redes genómicas *creativas*, que no solo reconstruyen continuamente su *software* sino también su *hardware* (Ben-Jacob 1998).

Autonomía: biología, tecnología y cognición

Ya hemos dicho que nuestra profundización en la microestructura del metabolismo y la comunicación en la biosfera venía motivada por una reutilización del andamiaje conceptual allí desarrollado en la esfera tecnológica. Se trata entonces de matizar en qué sentido puede hablarse de autonomía, redes cooperativas y evolución en la tecnosfera.

El concepto de autonomía que hemos presentado al principio de este artículo (basado en la capacidad autoconstructiva, adaptativa e interactiva de los sistemas vivos mínimos), es sin duda una herramienta útil para entender la libertad humana en términos positivos como la capacidad de autoconstrucción de uno mismo (frente a otras nociones *negativas* de libertad como la no-dependencia o no-limitación)⁵. La capacidad del ser humano de ampliar sus posibilidades de acción y de comprensión del mundo y de sí mismo a través de técnicas y artefactos (en un proceso recursivo de autodefinición y generación de sentidos y prácticas) es análoga a la capacidad de automantenimiento y autoconstrucción de los sistemas autónomos básicos. Es más, la autonomía tecnocognitiva del ser humano no podría existir si los humanos, en tanto que organismos biológicos, no fuéramos a su vez sistemas autónomos multicelulares. La libertad o autonomía humana entendida de esta manera pasa por comprender el origen neurobiológico de las capacidades cognitivas humanas y su ampliación y fijación posterior a través de un entorno tecnológicamente estructurado. Dar cuenta del desarrollo de la autonomía desde el origen de la vida hasta las sociedades de la información exigiría en este punto un desarrollo más detallado del salto de la biosfera a la noosfera, de lo biológico a la cognitivo y de aquí a lo social y a lo tecnológico (introduciendo a su vez diversas transiciones intermedias: la del origen de la multicelularidad, de la comunicación, del lenguaje escrito, las matemáticas, la moneda, etc.). Hay sin embargo un cortocircuito que permitiría hacer una transición rápida entre biología y tecnología y salvar, en

⁵ Una noción de libertad que ya exploró Foucault (1990) en sus últimos años a través del concepto de tecnologías del yo, y especialmente a través del estudio de todas las tecnologías (de tipo social) que convergen en la creación de subjetividades.

cualquier caso, la analogía entre la biosfera y la tecnosfera. En palabras de Álvaro Moreno:

“(…) sólo los seres humanos han sido capaces de un desarrollo sostenido de instrumentos técnicos cada vez más complejos, hasta el punto de que *el desarrollo de técnicas es la peculiaridad del estatus biológico del hombre*. A diferencia de todos los demás animales, el hombre ha ido modificando su forma de interacción con la naturaleza mediante la invención de instrumentos que han actuado como prótesis de sus capacidades biológicas específicas. (...) En definitiva, la invención acumulativa y acelerada de nuevas técnicas ha actuado como un continuo desarrollo de prótesis. Bernard Stiegler (1994, 1996) ha denominado a este proceso *epifilogénesis* porque es en cierto modo equivalente a la evolución de nuevas capacidades biológicas, sólo que sobre una permanencia de su estructura básica” (Moreno 2003:21)

En relación a la autonomía básica el desarrollo tecnológico humano aparece como una extensión protésica de esa capacidad fundamental de automantenimiento y autoconstrucción. Termodinámicamente hablando podemos incluso afirmar que “de manera sustancial la tecnología humana se basa en el uso de múltiples unidades articuladas que encauzan la energía procedente de las más diversas fuentes (unas ajenas: fuerza muscular animal, saltos de agua, combustibles vegetales; y otras propias: arcos, resortes, palancas...) para producir trabajo” (Moreno 2003: 24) constriñendo el flujo de energía para fines propios; de manera análoga a cómo los sistemas autónomos básicos constriñen los flujos de energía para su automantenimiento. Claro que el uso que un ser humano hace de un artefacto viene marcado (entre otras cosas) por sus intenciones y éstas remiten a su vez a la organización cognitiva del ser humano (deseos, razones, conceptos, etc.). Sin embargo no deberíamos de insistir demasiado en una separación radical entre cognición y tecnología, entre conciencia y entorno instrumental. Hay tres razones fundamentales por las que, para los propósitos y el alcance de este ensayo, podemos justificar una concepción unitaria de la autonomía tecno-cognitiva:

1. El desarrollo de las capacidades cognitivas y sociales humanas ha estado históricamente unido al desarrollo tecnológico: pensemos en la forma en la que la escritura ha permitido nuevas formas de organización social, nuevas formas de aprendizaje y herencia cultural a través de los tiempos y de la geografía, o cómo los instrumentos científicos han permitido una interacción cada vez más precisa con la naturaleza y a través de esas interacciones el desarrollo de teorías cada vez más amplias y poderosas (Moreno 2003).
2. El desarrollo de las capacidades cognitivas humanas está ontogenéticamente (a escala del desarrollo individual) unido a la tecnología. La idea principal es que un entorno tecnológicamente estructurado actúa como andamiaje sobre el que se despliegan y se distribuyen los procesos cognitivos humanos (Hutchins 1995, Clark 1997, Clark & Chalmers 1998).
3. En las sociedades del conocimiento esta interrelación entre autonomía cognitiva y autonomía tecnológica es aún más fuerte, la una no puede entenderse sin la otra en tanto en cuanto la actividad cognitiva y comunicativa se despliega a través de artefactos tecnológicos de tipo electrónico-informático.

Lo que venimos a decir, en definitiva, es que el ser humano ha extendido su autonomía a través de las tecnologías (en sentido amplio, incluyendo al lenguaje y otras tecnologías culturales) socialmente construidas y transmitidas creando artefactos y

técnicas que permiten ampliar sus capacidades biológicas y su horizonte de acción. Éste proceso sucede de forma análoga a cómo las bacterias han extendido (y siguen extendiendo) su autonomía adaptativa gracias a las biotecnologías que han creado colaborativamente y a las transformación colectiva del entorno químico en el que operan. Al igual que la autonomía termodinámica de los sistemas autónomos básicos se vio beneficiada en sus posibilidades de expansión a través de su acoplamiento con los templates, la autonomía tecno-cognitiva humana se ha expandido enormemente con la introducción de las tecnologías informacionales (escritura, matemáticas, computación, telecomunicación, etc.). La analogía se hace especialmente evidente en el caso del software libre y los procesos de innovación cooperativa basados en el código abierto.

Redes tecno-cognitivas de innovación cooperativa.

El escenario evolutivo de las tecnologías

La imagen distorsionada del desarrollo tecno-cognitivo humano como dependiente de grandes corporaciones y de un mercado competitivo es en cierto modo análoga a la imagen distorsionada de la evolución biológica centrada en los organismos multicelulares y en la evolución darwiniana vertical de supervivencia del más apto. Los juegos de suma no cero (procesos colectivos en los que la colaboración beneficia más que la competición) son mucho más comunes de lo que la ideología de mercado nos empuja a imaginar. La evolución tecnológica humana es posible fuera de ese marco capitalista; de hecho la evolución de la cultura y la tecnología humana es imposible de imaginar y comprender si no es a través de redes de cooperación y de la libre transmisión de conocimientos y técnicas.

A diferencia de los recurso termodinámicos (trabajo, tiempo, fuentes de energía, etc.) los recursos informacionales son, en principio, ilimitados. Las únicas constricciones que necesariamente operan sobre el flujo de información son las de carácter material; las de las operaciones físicas (electrónicas, de escritura, sonido, etc.) necesarias para la copia, transformación y transmisión de significantes. No será hasta muy recientemente en la historia del desarrollo tecno-cognitivo humano que la introducción de constricciones sociales (de tipo jurídico, mediático y tecnológico) a la libre circulación de los saberes y las técnicas genere una escasez artificial que permita el surgimiento de procesos evolutivos (innovativos) de carácter competitivo. El copyright (originalmente encaminado a regular la competencia entre imprentas y hoy en día instrumentalizado para asegurar el beneficio de intermediarios a través del público), las patentes (originalmente encaminadas a incentivar la publicación de invenciones pero utilizadas hoy en día para cercar y adueñarse del espacio innovativo), las tecnologías anticopia y en general las leyes de propiedad intelectual (cada vez más orientadas a criminalizar al público por compartir la cultura) son las que imponen constricciones añadidas a la libre circulación de la información para asegurar que el flujo informacional así controlado produzca beneficios económicos encauzables por corporaciones y organismos que acumulen capital.

Sin embargo el surgimiento de las redes de comunicación y terminales digitales de información (especialmente internet) ha borrado casi completamente las constricciones materiales al flujo informacional; posibilitando así un intercambio y transformación de la

información (y las tecnologías y conocimientos así codificables) al margen de los núcleos de poder con capacidad para controlar las constricciones materiales. En otras palabras: gracias a la generalización de las TIC ya no hace falta acumular (en forma de dinero, poder social o militar, etc.) el poder necesario para reproducir y distribuir información ya que esta no se encuentra ya ligada a un soporte material que es costoso fabricar, manipular o distribuir. En definitiva el ciberespacio ha posibilitado el (re)descubrimiento de formas más rápidas y eficaces de innovación cooperativa; entre ellas destaca el modelo bazar del software libre.

Software libre y software propietario: dos modelos de desarrollo tecnológico.

El software es la forma informacional (codificada generalmente en dígitos binarios) que toma cualquier tecnología que se implemente en una computadora. Las computadoras son realizaciones materiales de la Máquina Universal de Turing; artefactos que constriñen el flujo de energía para poder ejecutar materialmente cualquier máquina digitalmente codificable. Comprender la dimensión de la invención y construcción de las computadoras es fundamental: ellas permiten desacoplar el desarrollo de cualquier cálculo o máquina abstracta del sustrato material que la realiza y a su vez permite realizar en el mismo artefacto físico un número ilimitado de máquinas. No es por tanto de extrañar que el incremento del acceso público a las computadoras y su conexión masiva (internet) suponga una de las transiciones más importantes del desarrollo tecnológico humano cuyas consecuencias apenas hemos empezado a explorar.

El software se construye generalmente con un lenguaje de programación que codifica los algoritmos que definen la funcionalidad del programa. Si el programador conoce un lenguaje de programación será capaz de construir máquinas virtuales en base a ese lenguaje e interpretar y modificar los programas que otros hayan escrito en él. Sin embargo las computadoras no “entienden” el lenguaje de programación. Para que un ordenador ejecute las instrucciones escritas en un lenguaje de programación determinado es necesario traducir este código de programación a código máquina que es el que “físicamente” hace funcionar al ordenador. A este proceso de “traducción” de programa-en-código-de-programación (o código fuente) a programa-en-código-máquina (o código binario) se le llama *compilación*. Si un programador quiere modificar o comprender el funcionamiento interno de un programa necesita acceder al código fuente; debido a la complejidad acumulada en el desarrollo de programas es prácticamente imposible entender un programa en código máquina, sólo los ordenadores pueden “entender” ese código al ejecutarlo. Pero las computadoras no son sistemas autónomos, no pueden “comprender” realmente aquello para lo que sirve el programa, no pueden modificarlo o mejorarlo, no pueden evaluarlo; en otras palabras “a las computadoras no les preocupan los programas”. A nosotr*s sí.

La división entre código máquina y código fuente permite separar el desarrollo de software de su implementación lo que a su vez permite comunicar fácilmente el diseño, modificarlo, etc. pero también hace posible transmitir (vender, copiar, transferir, etc.) programas SIN el código fuente; es decir sin tener acceso a su funcionamiento interno. Esto sería equivalente a que una bacteria le transfiriera a otra algunas proteínas

funcionales para el metabolismo pero sin transferir el código genético que permita producir esas proteínas. El modelo de desarrollo de software propietario está basado en tres grados de restricción: patentes (por ahora sólo válidas en los EEUU), copyright sobre el código fuente y venta exclusiva del código máquina. Se supone que estas restricciones aseguran un escenario en el que la competición entre diversas empresas incentiva el desarrollo y la innovación en el ámbito del software; i.e. en el espacio del desarrollo tecnológico digital del ser humano. Sin embargo las restricciones que sostienen este modelo de desarrollo limitan enormemente la autonomía de los usuarios de software: las patentes impiden implementar algoritmos patentados, el copyright impide la libre copia y circulación del software y el código cerrado impide la modificación y el conocimiento del verdadero funcionamiento de los programas. Programas que estructuran nuestras capacidades cognitivas y comunicativas: i.e. nuestra autonomía e identidad. Indudablemente las corporaciones y multinacionales de desarrollo de software no ignoran el poder informacional, comunicativo, protocolar y tecnológico que acumulan a través del diseño del software y lo aprovechan bien para mantener y expandir su dominio.

Existe, sin embargo, un modelo diferente de desarrollo: se trata del modelo bazar (Raymond 1997) del software libre o software de código abierto. El software libre ha tenido que tomar una forma legal explícita (el copyleft) para hacer frente a las restricciones que (desde el modelo de desarrollo propietario del software y de la cultura) empezaban a imponerse de forma progresivamente más violenta y exhaustiva sobre la comunidad de desarrolladores y la sociedad en general, como si de una especie de *pensamiento único* del desarrollo tecnológico se tratara. El copyleft (o copyright invertido) se define por una serie de libertades asociadas al programa que se aseguran instrumentalizando la legislación sobre copyright: "El copyleft usa las leyes sobre copyright, pero las voltea para que cumplan una finalidad contraria a la que les fue asignada: en lugar de ser un medio para privatizar software, se convierte en una forma de mantener el software libre. La idea central del copyleft es dar a todo el mundo el permiso para usar el programa, copiarlo, modificarlo y distribuir las versiones modificadas, pero no el permiso para añadir otras restricciones que éstas sobre él." (Stallman 1997). Es decir, lo único que impide el copyleft (o las formas más radicales de copyleft) es que una obra derivada de otra copyleft deje de serlo. A través del copyleft se aseguran los cimientos jurídicos que permitirán el desarrollo de todo un ecosistema cooperativo de desarrollo: la comunidad del software libre. Junto a la popularización de internet y las computadoras el copyleft dio lugar al modelo bazar de desarrollo. El modelo bazar se basa en un desarrollo masivamente paralelo del software a través del intercambio de código entre programadores y la depuración colectiva del código por parte de los usuarios. Al ser el código fuente accesible a tod*s y al asegurar el copyleft una distribución y modificación libre del software, se borran las fronteras entre usuarios y productores, entre proceso de desarrollo y consumo; fronteras que tanto necesita imponer el modelo de software propietario para asegurar un flujo unidireccional de capital. El modelo bazar permite además una mayor diversidad de líneas de desarrollo para un mismo software (ya que nadie tiene la exclusividad sobre un programa) así como la reutilización de código de otros programas para desarrollar un tercero (lo que unido a un desarrollo modular permite a su vez un enorme poder de recombinación).

Las redes bacterianas evolutivas y el modelo bazar del software libre

El modelo bazar del software libre es análogo al modelo evolutivo bacteriano por TGH. Se trata en definitiva de un modelo evolutivo o innovativo que permite aumentar la autonomía individual a través de la cooperación colectiva. Redes de intercambio de información tecnológica (saberes y técnicas, programas y procedimientos, genes y biotecnología) que aumentan la autonomía individual (human y bacteriana) de forma cooperativa. Para ello es necesario el código abierto y la creación de redes de transferencia de información. Pero la evolución bacteriana se caracteriza también por la producción y mantenimiento de recursos colectivos bioquímicos. Tampoco es ajena la comunidad del software libre a este fenómeno: servidores compartidos (sourceforge, savanah), proyectos de documentación libre, comunidades de intercambio y comentarios de noticias (como slashdot y sus homólogos en otros idiomas ---entre ellos barrapunto, en castellano) o la internet misma (con todo el desarrollo abierto de protocolos y estándares) constituyen todo un entorno de recursos colectivos para el desarrollo del software libre y producidos con software libre; en un proceso de retroalimentación entre desarrollo y entorno (anillado a múltiples niveles).

Bajo el movimiento de software libre subyace el mismo mecanismo evolutivo distribuido, horizontal y cooperativo que en las redes bacterianas, un mecanismo de innovación y aumento de complejidad que es terriblemente eficaz, robusto y que además permite mantener la autonomía de sus agentes. Un proceso que dió origen y mantiene la estructura fundamental de la biosfera y la tecnosfera, un proceso en el que el código abierto entrelaza metabolismo (autonomía) y comunicación.

Bibliografía y referencias

- Ben Jacob, E. (1998), Bacterial Wisdom, Gödel's Theorem and Creative Genomic Webs. *Physica A* 248:57—76. <http://star.tau.ac.il/~inon/wisdom1/preprint.html>
- Boden, M.A. (1999). Is metabolism necessary? *British Journal for the Philosophy of Science* **50**: 231—248.
- Borges A. & E. Costa (1999) Enhancing Transposition Performance. In *Proceedings of the 1999 Congress on Evolutionary Computation*, Washington, USA, 6-9 July, 1999. pp. 1434—1441. http://eden.dei.uc.pt/~ernesto/EvoCo/papers/papers/1999/cec99_1.pdf
- Capcarrere, S. (2002) *Cellular Automata and Other Cellular systems: Design & Evolution*. PhD Thesis, Swiss Federal Institute of Technology, Lausanne. <http://lslwww.epfl.ch/~msc/THESIS/thesis.html>
- Chalmers, D. (1995) Facing up the problem of consciousness. *Journal of Consciousness Studies* **2**(3):200—19, 1995.

- Clark, A. (1997) *Being There. Putting brain, body and world together again*. MIT Press, Cambridge MA.
- Clark, A. & Chalmers, D.J. (1998) The extended mind. *Analysis* 58:10—23.
- Dawkins, R. (1976) *El gen egoista*. Salvat Editores, 2000.
- Eigen M. and P. Schuster. *The Hypercycle: A principle of natural self-organization*. Springer, Berlin, 1979.
- Eigen, M., Gardiner, W., Schuster, P. & Wincker-Oswatitch, R. (1981) The origin of genetic information. *Scientific American*, **244**(4): 88—118.
- Ettxeberria, A., Umerez, J., & Moreno, A., editors (2000). *Communication and Cognition - Artificial Intelligence*. Special issue on "The contribution of artificial life and the sciences of complexity to the understanding of autonomous systems", volume 17 (3—4).
- Foucault, M. (1990) *Tecnologías del yo*. Barcelona, Paidós.
- Guiu, L. (2003) Código abierto y bacterias v0.3. <http://astramat.com/alife/bacterias.rtf>
- Harvey, I. (1996). The microbial genetic algorithm. *IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics—Part B: Cybernetics*, **26**(3):396—407.
- Hutchins, E. (1995) *Cognition in the Wild*. MIT Press, Cambridge MA.
- Iáñez Pareja, E., 1998, "Curso de Microbiología general. Genética Bacteriana". <http://www.ugr.es/~eianez/Microbiologia/Programa.htm>
- Kauffman, S. (1993) *The Origins of Order: Self-Organization and Selection in Evolution*. Oxford University Press.
- Kubik, A. (2003) Distributed Genetic Algorithm: Learning by Direct Exchange of Chromosomes. *Advances in Artificial Life*, Springer-Verlag Heidelberg. pp.346—356.
- Moreno, A. & Ruiz-Mirazo, K. (2002) Key issues regarding the origin, nature and evolution of complexity in nature: information as a central concept to understand biological organization. Special Issue *Emergence* 4.1/4.2 : 63—76.
- Moreno, A. (2003) Reflexiones críticas sobre la naturaleza humana (con Fukuyama al fondo). *Pasajes* 12: 17—25.
- Margulis L., (1993) *Symbiosis in Cell Evolution: Microbial Communities in the Archean and Proterozoic Eons*. 2d ed., W.H. Freeman, New York.
- Margulis, L. & Sagan, D. (1987) *Microcosmos*. Allen & Unwin, London.
- Pattee, H. H. (1995) Evolving self-reference: matter, symbols, and semantic closure. *Communication and Cognition - Artificial Intelligence*, **12** (1-2): 9—28.
- Raymond, E. (1997) La catedral y el bazar. <http://sindominio.net/biblioweb/telematica/catedral.html>
- Ruiz-Mirazo, K. & Moreno, A. (2000). Searching for the Roots of Autonomy: the natural and artificial paradigms revisited. In Ettxeberria et al. (2000), pages 209—228.
- Ruiz-Mirazo, K., Peretó, J. & Moreno, A. R (2004) A Universal Definition of Life: Autonomy

and Open-ended Evolution. *Origins of Life and Evolution of the Biosphere* 34(3): 323-346.

Stallman, R. (1997) El proyecto GNU. <http://www.gnu.org/gnu/thegnuproject.html>

Szostak, J.W., Bartel, D.P. & Luisi, P.L. (2001) Synthesizing Life. *Nature* **409**: 387—390.

Vidal, M. (2000) Cooperación sin mando. Una introducción al software libre. <http://sindominio.net/biblioweb/telematica/softlibre/>

Woese, C.L. (2002) On the evolution of cells. *Proc. of the National Academy of Sciences*, 99(13): 8742—8747.

Agradecimientos

Agradecemos al Medialab de Madrid la invitación al ciclo de conferencias de *Metabolismo y Comunicación* y la confianza puesta en nosotros, a sindominio.net por el mantenimiento de la infraestructura virtual de Autonomía Situada, por poner en marcha un proyecto en el que cavemos tod*s y a Jesús Siqueiros por la lectura y los comentarios a un manuscrito previo de este artículo. Xabier Barandiaran agradece el apoyo económico de la beca de formación de jóvenes investigadores número BFI03371-AE del Gobierno Vasco.