

Dieciocho definiciones sobre

Ⓢ “gen”

Jacques
Fontanille

PROBLEMÁTICA

La revista *La Recherche* publicó recientemente una serie de dieciocho definiciones sobre el gen en un artículo¹ que tuvo mucho impacto, pues los lectores (cultos) de esta revista pudieron darse cuenta de que los más grandes especialistas que tienen a su cargo el fundamento científico de las tecnologías actuales y futuras de lo viviente no están de acuerdo en absoluto sobre la definición de su objeto.

A pesar de su especificidad y de su tecnicidad, el *corpus* representa aquí perfectamente la heterogeneidad de los *corpus* de estudios en comunicación y, especialmente, de los *corpus* de las publicaciones científicas:

- La información aparece revelada mediante un sujeto de enunciación delegado por el órgano de prensa, mismo que interviene, más o menos discretamente (aquí discretamente), pero visiblemente por un encabezado introductorio indicando en qué condiciones las definiciones fueron recabadas, y por recuadros técnicos, explicativos y de carácter didáctico, para ayudar al lector a comprender el texto de las definiciones.
- Dicha información ya ha adquirido su forma por otros sujetos de enunciaciones, los “informadores” interrogados, que son muchos, y de opinión muy divergente.
- Además, la información es parcialmente “multimodal” (y “sincrética”) ya que el artículo asocia textos, esquemas y dibujos humorísticos.

En los límites de este análisis, mi acercamiento estará limitado a la resolución de la heterogeneidad enunciativa de primer grado (entre los informadores), puesto que he restringido voluntariamente mi objetivo a la controversia entre las tesis científicas sobre el gen: habría que retomar el análisis desde su punto de inicio (y no agregar *a posteriori* el análisis del encabezado introductorio, así como de los esquemas y dibujos) si quisiéramos abarcar metódicamente el conjunto del artículo.

Mi hipótesis se resume en pocas palabras: las posiciones de cada uno de los informadores sólo pueden ser comprendidas según las siguientes condiciones:

1. Si hemos identificado la naturaleza de las apuestas de la divergencia que surge entre las dieciocho definiciones, a saber, la tensión difícil de resolver entre dos grandes tipos de definiciones del gen.

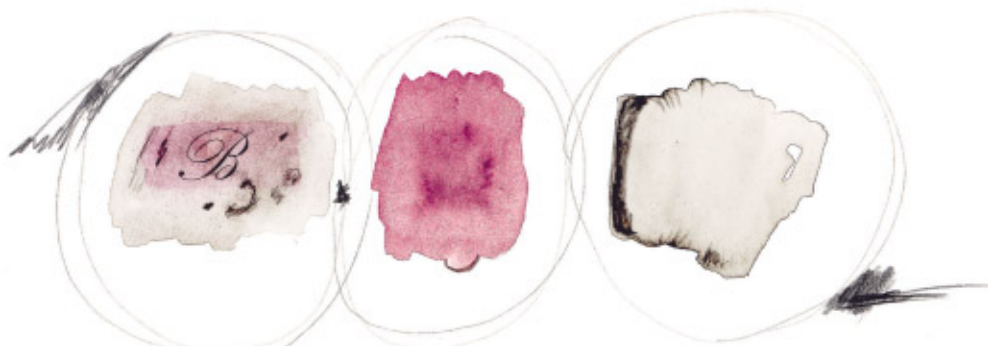
2. Si hemos podido reconstituir los diferentes casos de figura de la relación entre estas dos definiciones (específicamente: ascendente / descendente; causal / estadística; desunida / conjunta; con transición / sin transición; isótopo / alótopo).



1. La *regulación*: "regiones" de ADN son reguladores para las operaciones que serán llevadas a cabo en la región de ADN llamada "ADN promotor".

- La cuestión que se plantea, pues, es la de saber si estas regiones reguladoras forman o no parte de la secuencia de ADN pertinente.

2. La *transcripción*: el ADN promotor es "seguido" de manera más o menos completa y regular por el ARN llamado "ARN



© Yara Almoína, B, de la serie *abecedario o dibujos para leer en silencio*, 2002.

3. Cuando hayamos podido colocar cada posición con relación a este dispositivo global que constituye el *universo del discurso* de los dieciocho textos analizados.

LAS DOS DEFINICIONES DEL GEN

Estas dos definiciones son:

1. El gen como secuencia molecular material.
2. El gen como unidad de información.

Desde el punto de vista de la puesta en escena textual, el tratamiento de estas dos definiciones presenta un franco contraste.

EL GEN COMO SECUENCIA MOLECULAR MATERIAL

La secuencia molecular material está definida en extensión. Se trata de definir sus constituyentes, sus límites, sus formas alternativas; los constituyentes están definidos en una secuencia de producción:

transcriptor" (una enzima polimerasa), para transcribirlo, y producir otro ARN, llamado "ARN transcrito" o "ARN mensajero".

- Las decisiones por tomar se multiplican:
- El ARN transcriptor ¿es o no es un constituyente de la secuencia material a considerar?
- Dado que ciertas regiones de ADN promotor no son transcritas ¿los segmentos conocidos como "intrones" forman parte o no de la secuencia pertinente?

- Teniendo en cuenta que el principio y el final de la secuencia transcrita son indicados por dos nucleótidos, "codones", respectivamente el codón "start" y el codón "stop", ¿forman parte estos dos codones o no de la secuencia pertinente?

3. La *síntesis*: el ARN transcrito y un aminoácido son ensamblados gracias a una molécula intermediaria, un ARN llamado "ARN de transferencia", y podemos decir entonces que el ARN transcrito ha "sintetizado" una proteína.

- La identificación de los constituyentes de la secuencia biológica original podría detenerse en la fase precedente, siendo que ya no hay ahora ningún rasgo del ADN original; sin embargo el cuestionamiento sigue en la medida que, a partir de que cuando se renuncia a poner un límite a la

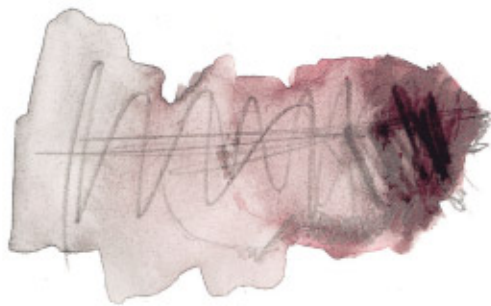


secuencia molecular pertinente al ADN promotor, ya no podemos ignorar las bases moleculares de las operaciones siguientes: se plantea así la cuestión de saber si el ARN de transferencia forma parte o no de esta secuencia.

4. La *maduración*: la proteína sintetizada sufre numerosas modificaciones bajo el efecto de su ambiente químico.

• Si llevamos hasta sus últimas consecuencias la lógica de este razonamiento, todo lo que modifica la naturaleza del

fases del proceso de producción, así como ordenado las definiciones en función de estas cuatro fases. La lectura sola de las dieciocho definiciones, tomadas por separado, no permite, en efecto, detectar tal salto: la discusión aparece simplemente como una búsqueda de constituyentes biológicos del gen, y parece recaer únicamente sobre sus nombres y sobre la extensión de la definición. Pero, la noción de extensión, en este caso, no tiene mucho sentido, ya que estos diferentes elementos no constituyen una "clase" homogénea (de los segmentos de ADN más varios tipos de ARN): el gen no es pues, a este nivel de la reflexión y en la perspectiva de



© Yara Almoina, J, de la serie *abecedario o dibujos para leer en silencio*, 2002.

producto de las operaciones anteriores debe entrar en la definición extensa del gen, y, por consiguiente, los factores de la modificación de la proteína forman parte de éste.

Notamos en seguida en esta presentación tres tipos de fenómenos:

a) Si nos concentramos estrictamente en la secuencia biológica original del gen, la definición termina en el punto (2), y más precisamente en el ADN promotor, delimitado por sus sitios de inicio indicados y sus dos codones.

En cuanto tomamos en consideración otros elementos, en especial las regiones reguladoras, y los diversos ARNs (transcriptor, mensajero y de transferencia), cambiamos de perspectiva, ya que se trata entonces de un proceso de producción y no de un estado material original. El simple hecho de interrogarse sobre la pertinencia, en el seno mismo de la secuencia de ADN promotor, de los segmentos que son ignorados por la transcripción (los intrones), constituye un razonamiento retroactivo que se apoya en el proceso de producción y no sobre la sola delimitación de la secuencia material original.

b) La identificación de este "salto cualitativo" es posible sólo si previamente hemos identificado la existencia de las

la identificación de la secuencia biológica pertinente, una "clase" como tal.

c) En otros términos, la discusión sobre el número de componentes materiales del gen no se basa en un *micro-relato subyacente*, el de la producción de las cadenas moleculares biológicas: el gen es una "cadena" de secuencias biológicas que se engendran mutuamente, que encajan y se combinan según un proceso explícito. Pero, esta "cadena" sigue siendo definible sólo a partir del proceso, el *gen es el proceso*, y no solamente la adición de diferentes moléculas o segmentos de moléculas que participan en dicho proceso.

Dudaremos pues entre una definición "segmental" y una definición "supra-segmental", entre una definición por las "figuras" y una definición por los "procesos". Sin embargo, es la definición procesal que prevalece, pues los que, como Fischer y Jordan, quieren limitar la definición a la secuencia de ADN original, adoptan una argumentación restrictiva con relación al proceso: Fischer, por ejemplo, recuerda el proceso (la codificación de los transcritos, y la síntesis de las

proteínas), pero para precisar que el gen no es más que la secuencia sobre la cual opera la primera etapa del proceso.

EL GEN COMO UNIDAD DE INFORMACIÓN

La definición ya no apunta hacia una secuencia biológica, sino hacia una función biológica, y se presentará como una formulación de actos y de puestas en correlación entre fenómenos.

El gen "código" para la síntesis de proteínas.

El gen es una "instrucción" para un programa genético.

El gen "determina" la aparición de un carácter fenotípico.

La difusión de un gen es "estadísticamente correlacionada" a la difusión de un fenotipo.

El gen "condiciona" dos propiedades esenciales e indisolubles de lo viviente: su reproductibilidad y su variabilidad.

Esta serie de definiciones conlleva también varios comentarios.

1. Volvemos a encontrar un proceso, pero tomado globalmente como una operación sobre informaciones, instrucciones, y no como el proceso de producción de las estructuras materiales. La producción de estructuras materiales trataba de determinar los componentes en extensión del gen para hacer de ellos el "producto" de una serie de operaciones, mientras que el proceso "informativo" se adueña del gen como un todo, para hacer de él un operador cuyos productos son observables en el mundo vivo.

El cambio de estatuto del gen es doble:

- Desde un punto de vista actancial, pasa del estatuto de producto al de productor.



- Desde un punto de vista modal, pasa de un estatuto "pragmático" y "explicado", un compuesto de figuras materiales descriptivas, a un estatuto "cognitivo" y explícitamente semiótico, o al menos "explicativo": *marcador, instrucción, programación, determinante*.

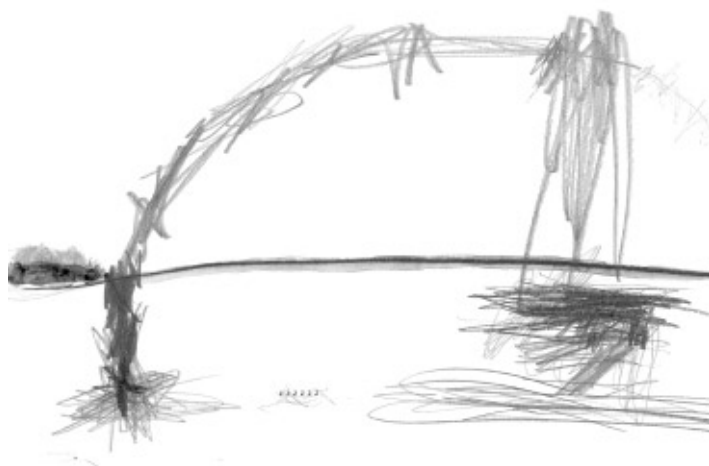
2. El nivel de comprensión y de comparabilidad de las definiciones dependen del procedimiento adoptado: capturadas por separado, estas definiciones aparecen como variaciones, más o menos precisas y asumidas, de un mismo tema; pero, capturadas comparativa y globalmente, pueden ser ordenadas según dos parámetros:

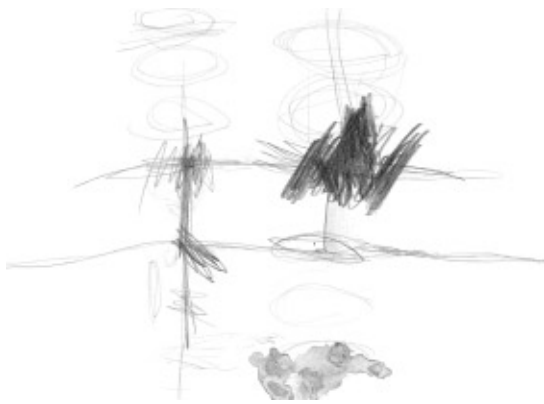
- El estatuto modal de la explicación.
- El alcance de la explicación.

a) El estatuto modal de la explicación varía, en efecto, desde algo que semejaría una "causalidad", hasta una simple correlación estadística: en suma, siguiendo la gama de los grados de probabilidad y certidumbre, las definiciones recorren el eje de las modalidades epistémicas desde lo "cierto" (el gen "código" proporciona "instrucciones" para un programa) hasta lo simplemente "probable" (el gen "determina", "condiciona", está "correlacionado estadísticamente").

b) El alcance de la relación y de la operación varía por su lado, siguiendo el proceso mismo de la generación de las cadenas materiales de lo vivo: desde las proteínas (el gen "codifica" la síntesis de las proteínas), hasta lo vivo en general (el gen condiciona la reproductibilidad y la variabilidad de lo vivo), pasando por los fenotipos (el gen determina la aparición de los caracteres fenotípicos).

Pero solamente esta puesta en perspectiva global permite entender que el proceso, cuyo gen es el operador "cognitivo", no es de la misma naturaleza que el proceso de producción material explotada en la otra definición del gen. En efecto, cuando adoptamos la definición del gen como "unidad de información", ya no podemos "seguir la huella", etapa por etapa, de la producción de la cadena material. Los dos parámetros de variación de la definición, el parámetro modal y el parámetro de "alcance", introducen saltos cualitativos irreversibles. La correlación estadística, en particular, impide mantener la relación en cuanto a una cadena de productos materiales; así como la reproductibilidad y la variabilidad de lo vivo no puede reducirse a una combinación de fenotipos, ni un fenotipo puede reducirse a una combinación de proteínas.





© Yara Almoína, x de la serie *abecedario o dibujos para leer en voz baja*, 2002.

LAS RELACIONES ENTRE LAS DOS DEFINICIONES

EL PAPEL DE LA CUANTIFICACIÓN

A este punto del análisis, es particularmente difícil explicar la articulación entre las dos definiciones, puesto que estamos constatando una serie de “saltos cualitativos irreversibles”, y un “abatimiento imposible” de una sobre la otra.

El análisis separado de cada una de las definiciones no podrá sino constatar la divergencia en el tratamiento de esta articulación:

- Algunos solamente adoptan una definición, generalmente la definición material, y recusan o ignoran la otra.
- Algunos constatan la divergencia entre las dos definiciones, y hasta la radicalizan (“el ADN no es portador del gen”).
- Otros, finalmente, inician un proceso de reducción de la divergencia, e intentan la articulación. Volveremos sobre estos intentos.

Pero existe, por lo menos, un punto sobre el que todos están de acuerdo (o, al menos, no manifiestan desacuerdo): la dificultad viene de la “cuantificación”. De hecho, una de las definiciones se basa por completo sobre la cuantificación, la de Chambon: no es la unidad de la transcripción que carga el gen, sino el *número* de proteínas sintetizadas por el genoma.

Ahora bien, la cuantificación es, en este conjunto de definiciones, una propiedad vinculada con el proceso de producción material y su efecto sólo puede apreciarse si hemos reconstituido las etapas y las operaciones de este proceso. Estamos pues frente a una sintaxis de operaciones y la propiedad crítica de esta sintaxis es su *aspectualidad*, y más precisamente, la *cuantificación* que va a aplicarse y combinarse con esta aspectualidad: previamente se tiene que haber realizado el análisis aspectual del proceso para encontrar las zonas críticas de la cuantificación.

Ahora bien, el efecto de la cuantificación, muy precisamente, es la modificación del estatuto modal y del alcance

del proceso mismo: a medida que avanzamos en la cadena de producción de las figuras materiales, la cuantificación de las operaciones, gracias a un efecto acumulativo, impide la retroacción causal, y obliga a realizar el “salto cognitivo”.

He aquí que las “zonas críticas” del proceso son las siguientes:

1. Siempre hay sobre el ADN varias regiones de fijación posibles para la ARN polimerasa: la elección del promotor es pues múltiple.

2. Para el mismo ADN promotor, existen siempre varios sitios de inicio y de final: la elección de la secuencia codificante precisa es, pues, también múltiple.

- Varios sitios de inicio posibles (varios puntos de fijación del codón “start”).

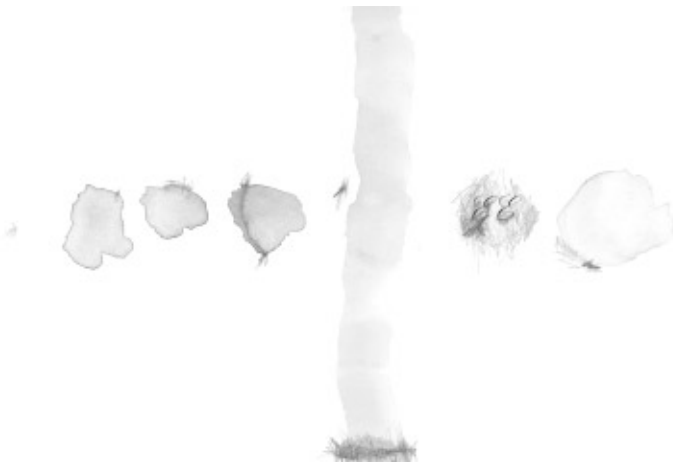
- Varios sitios de terminación posibles (varios puntos de fijación del codón “stop”).

3. Durante la transcripción, el fenómeno del espigamiento alterno multiplicará también las posibilidades de producción de proteínas: durante el proceso de duplicación, la ARN polimerasa que sigue la secuencia de ADN de referencia puede duplicar las dos ramas de la hélice al mismo tiempo, o una sola; o, más a menudo, saltar de una a otra, según un ritmo y una frecuencia particular. Existe, pues, aquí, un número muy grande de soluciones posibles.

Notamos así cuatro factores de pluralización para la operación de transcripción, mismos que resultan de la cuantificación de los umbrales aspectuales del proceso de producción material: a) el número de promotores, b) la posición del sitio inicial, c) la posición del sitio final, d) la estrategia del espigamiento alternativo. A cada elección para cada una de estas variables corresponde un ARN “transcrito” diferente, y, por consiguiente, una proteína diferente.

Pero hay que añadir a esto que, para cada una de las proteínas, y desde un mismo transcrito (ARN mensajero), obtenemos todavía devenires diferentes, según el ARN de transferencia que sirva de interfaz, y según las condiciones de maduración de la proteína: lo que eleva a seis el número de fases (aspectos) y a seis el número de bifurcaciones por cuantificación: elección del promotor (*fijación*), elección del sitio de iniciación (*start*), elección del sitio de terminación (*stop*), elección de las ramas de la hélice (*espigamiento alternativo*), elección del ARN de transferencia (*co-lage*), devenir de la proteína (*maduración*).

Entendemos, entonces, por qué la *cuantificación de los aspectos* del proceso presenta dificultades, y por qué, al mo-



© Yara Almoina, e de la serie *abecedario o dibujos para leer en silencio*, 2002.

mento de la interpretación y de la tentativa de definición, es ella, precisamente, la que cambia el estatuto del proceso de producción de las proteínas y de los fenotipos. La razón es simple: la cantidad de posibilidades, para cada elección, no está determinada, y la cantidad de elecciones posibles lleva globalmente a una indeterminación de la lectura ascendente del proceso.

¿CÓMO EXPLICAR ESTA “CONVERSIÓN COGNITIVA”?

Cada factor de pluralización es, al mismo tiempo, un *factor de “selección”*. Si existen varias soluciones, y si se realiza una sola a la vez, entonces hay que suponer *una instancia de control* (el papel de las regiones reguladoras no está claramente definido en el *corpus*). Y, mientras las funciones de “selección” no pueden ser relacionadas con producciones químicas específicas, ellas ya aparecen como funciones cognitivas de “control”; aunque es cierto, al menos en un caso, identificamos la presencia de segmentos moleculares que juegan el papel de “codones” (operadores pragmáticos de la selección), pero no se precisa por qué, dónde y cómo se producen dichos “codones”. En lugar de estas explicaciones, las definiciones recurren a las “regiones de regulación”, es decir a *los operadores “cognitivos” de la selección*.

RELACIÓN ASCENDENTE Y RELACIÓN DESCENDENTE

La cuantificación introduce, pues, una disimetría entre las dos direcciones del recorrido:

- En el sentido ascendente, se produce un salto modal así como un cambio del estatuto modal del proceso de producción de lo vivo, y, por consiguiente, del gen.
- En el sentido descendente, este salto modal no se produce, ya que partimos de los observables (fenotipos) y



que, gracias al análisis volveremos a encontrar las secuencias moleculares que los determinan.

1. En el sentido ascendente, lo pragmático es “convertido” en cognitivo.

La “información” es entonces una categoría que aparece cuando la relación de causalidad ya no es lineal ni unívoca; hablamos cuanto más de “información” y de “código”, cuanto menos dominamos la relación entre el referente y el producto: por ejemplo, cuando buscamos pasar del genotipo al fenotipo, el salto es más importante que entre el ADN promotor y la proteína, y la explicación mediante la “información” y las modalidades cognitivas (probabilidades, incertidumbres) se vuelve dominante. En el sentido ascendente, la cuantificación de las operaciones pragmáticas provoca la *conversión semiótica*: la cuantificación del proceso pragmático implica operaciones de selección, mismas que suponen un control cognitivo.

Este fenómeno es meramente textual (e incluso narrativo), y no es específico del discurso científico sobre el gen. En efecto, es comparable a la reconstrucción de la significación de un relato: sólo puede ser retrospectiva, pues en el sentido prospectivo la información contenida en cada fase o peripecia puede producir una gran cantidad de bifurcaciones.

En semiótica narrativa, distinguimos así dos “direcciones metodológicas”: la dirección “ascendente”, que sólo desemboca sobre la constatación de la multitud de los “posibles narrativos”, y sobre la identificación de los “puntos de bifurcación”; la dirección “descendente”, para la que, retrospectivamente, cada punto de bifurcación aparece después como controlado por una modalidad (un *deber hacer*, un *querer hacer*, un *saber hacer* o un *poder hacer*). En otros términos, lo que aparece como “cuantificación de los posibles” en el sentido ascendente será tratado como una “modalización del proceso” en el sentido descendente. En efecto, si hubiera una relación unívoca entre cada fase narrativa, así como un encadenamiento sin bifurcación, no hubiera necesidad de un saber-hacer, querer-hacer o poder-hacer y la conversión de una fase a la otra sería automática y directa.

Este punto podría parecer inútilmente técnico y meramente analógico pero, no es así pues permite precisamente poner de relieve el problema planteado en esta serie de definiciones:

- Es un problema de naturaleza semiótica que concierne la dimensión narrativa de la puesta en escena discursiva de los fenómenos evocados.



- Es trans-textual. En efecto, no es localizable en tal o cual definición y sólo la confrontación y la puesta en orden de todas las definiciones permite hacerlo aparecer. Se trata de un fenómeno discursivo, común al conjunto de las definiciones, y no al sentido en el que el conjunto de estas definiciones formaría un *corpus*, una “clase” de textos analizables en sus recurrencias y sus diferencias, sino en el sentido en que cada uno participa de una sintaxis englobante, ocupa su lugar, describe una de las etapas, etcétera.

2. En el sentido descendente.

Todas las definiciones concuerdan en este punto: no se puede pensar en ninguna relación cognitiva; no se sabe pasar de los fenotipos al genotipo, y del genotipo a las secuencias moleculares, mediante operaciones cognitivas; existen correlaciones, pero establecidas estadísticamente sobre bases de datos, y no sobre observaciones previsibles. Podemos observar, identificar, aislar, etc., el gen que corresponde a un fenotipo o a una proteína, no se le puede prever, calcular, o representar a partir de una proteína.

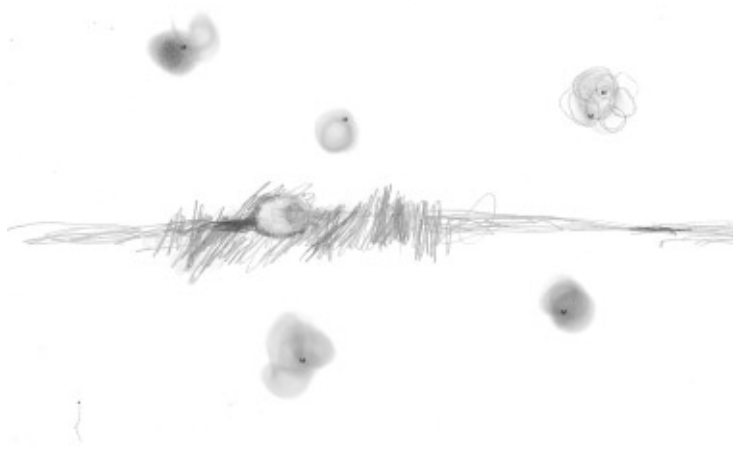
En el sentido descendente, realizamos, en cambio, una “conversión” pragmática, que consiste en ubicar experimentalmente y por observación directa las unidades materiales (las estructuras biológicas) que, supuestamente, están a la base de la producción de las unidades observables: a partir de un fenotipo, podemos reconstituir la secuencia de ARN, y a partir de ésta, podemos identificar la secuencia de ADN de referencia.

En esta conversión pragmática de la “unidad de información” la cuantificación se invierte, pues si existen varios fenotipos posibles nacidos de un mismo gen, a partir de uno o de varios fenotipos dados, podemos remontar al gen único que le o les corresponde.

CONCLUSIONES

Un procedimiento que hubiera consistido en estudiar cada definición por separado e intentar después confrontarlas, no hubiera, en definitiva, podido mostrar nada más que lo que constatamos de manera intuitiva en primeras instancias con la lectura: los genetistas no están de acuerdo entre ellos mismos.

El procedimiento adoptado, que de entrada quería ser integrador, partía del postulado que estas diferentes definiciones compartían un mismo universo de discurso, aun si se presentaban como un *corpus* heterogéneo. Si admitimos, en la perspectiva de la teoría polifónica y de intertextualidad, que



© Yara Almoina, m de la serie *abecedario o dibujos para leer en voz baja*, 2002.

nunca enunciamos en soledad ni por vez primera, sino que, cada vez que sostenemos un discurso, éste está en relación con una multitud de otros discursos, efectivos, anteriores o potenciales, es necesario que este principio no se aplique solamente al análisis de los textos particulares y aislados, sino, en primer lugar, se aplique a los conjuntos textuales que comparten una misma temática, un mismo género, o a cualquier forma semiótica que sea.

No importando el caso de figura, la enunciación individual no es más que una especificación, una actualización y una restricción a partir de la praxis enunciativa colectiva. En el caso que nos interesa, este principio está, además, confortado por el hecho de que las personas interrogadas forman parte de una misma comunidad científica, se conocen entre sí, al parecer, conocen las posiciones de unos y de otros, o, al menos, las posiciones-prototipos que existen en esta comunidad: es siempre más confortable proponer una lectura intertextual entre René Char y los presocráticos si podemos asegurar que René Char los leyó. Estamos así frente a una verdadera estructura conversacional a distancia. Pero la existencia de una comunidad profesional o institucional no es más que un caso particular de estas “praxis enunciativas colectivas” y de estos diálogos involuntarios que se vinculan en los *corpus* heterogéneos.

Y es justamente este procedimiento el que nos permitió organizar el discurso de los genetistas en dos etapas sucesivas:

1. La problemática y las propiedades de dos definiciones concurrentes. En este nivel de análisis, cada definición podría (es lo que se hará en una versión más amplia de este estudio) ser caracterizada como una posición de equilibrio (o de desequilibrio) en la estructura tensiva que asocia y confronta al mismo tiempo el gen como estructura material y el gen como estructura de información.

2. La problemática de la conversión y de la relación entre los dos grandes tipos de definición no son verdaderamente dos objetos semióticos diferentes, sino un solo objeto, que recibe dos tipos de conversiones. En el sentido ascendente, una *conversión cognitiva*, que hace del objeto "molecular" una "unidad de información", y, en el sentido descendente, una *conversión pragmática*, que hace del fenotipo y de los resultados de la selección natural, la expresión de una estructura molecular de referencia. A la *conversión ascendente* le corresponde el reconocimiento de los *contenidos cognitivos* asociados a las *expresiones biológicas*; y a la *conversión descendente* le corresponde la afectación de una *expresión material* asociada a los *contenidos de información*.

Asistimos pues a un proceso de semiotización orientado:

- En el sentido ascendente, este proceso de semiotización "inventa" de algún modo "contenidos" de información, de las codificaciones y de las operaciones de separación y selección.
- En el sentido descendente, el proceso de semiotización "ancla" los fenómenos cognitivos e informativos en la materia, los inscribe sobre soportes biológicos, y les encuentra de alguna manera "expresiones" materiales.

Estamos pues frente a dos semióticas diferentes y asociadas por una función: por un lado una *semiótica modal y cognitiva*, que asocia "indicios", "expresiones" con contenidos de información y con la formación de sistemas de valores, y del otro lado, una semiótica de los *modus operandi*, lo que llamaríamos hoy una "*semiótica de la huella*", es decir una semiótica que focalizaría las modalidades de la inscripción sobre un soporte material de la expresión, y las formas de la interacción con este soporte y con la sintaxis propia de éste.

Una de estas semióticas da la preeminencia a la *generación del plano de los contenidos* (selección, valores, adaptación, devenir de lo vivo, etcétera). La otra da preeminencia a la *generación del plano de las expresiones* (soporte, inscripción, sintaxis, *modus operandi*, etcétera). La reunión de estas dos macro-semióticas forma una *semiótica objeto completa y biplana*, a partir de la que, justamente por su carácter biplano, podemos tener un razonamiento, sacar inteligibilidad, asegurar una comprensión, etcétera.



A N E X O

RESÚMENES DE LAS DIECIOCHO DEFINICIONES

1. **H. Atlan.** Propone cuatro definiciones que pueden agruparse en tres entradas complementarias:

- a) secuencia de ADN que puede codificar varias proteínas.
- b) lugar de acción de la selección natural (evolución), pero la selección sólo porta sobre los fenotipos, no sobre el ADN.
- c) c1, instrucción de programa genético.
c2, secuencia de ADN asociada estadísticamente a un rasgo de carácter.

Las dos primeras definiciones pertenecen a dos sectores diferentes, y actualizan así dos "isotopías" distintas: la definición química y molecular, y la definición "evolucionista". La tercera pone en relación las dos primeras: entre los dos papeles del ADN (estructura biológica molecular y resorte de la selección), existe un "código", un "programa", o una correlación estadística.

La definición instala progresivamente una contradefinición, siendo que cada proposición es corregida y anulada por la anterior. Atlan acaba diciendo que todo esto sólo es una "simplificación ideológica y periodística", ya que la secuencia de ADN es un marcador (es decir un signo) y que no se puede establecer la relación de causalidad entre el ADN y los fenotipos de la selección natural, más aun porque no es el ADN que está activo, sino los ARN transcritos y las proteínas sintetizadas).

2. **P. Chambon.** Retiene los mismos elementos de definición (molécula, codificación), pero no menciona la cuestión de los fenotipos y de la selección. Añade, además, el primer papel del ADN (unidad de transcripción).

Pero, sobre todo introduce el tema de la cuantificación:

- Varios ADN "promotores" posibles para una misma unidad de transcripción.
- Varios sitios de inicio y de terminación para una misma unidad de transcripción (produciendo varios "transcritos").
- Varias proteínas posibles a partir de cada transcrito.

Lo que le permite pasar de la "unidad" al conjunto: no es el ADN-unidad de transcripción que porta el gen, sino el conjunto y el número de proteínas codificadas por el genoma (100,000 en cuanto a la mosca, 1 millón para el ser humano, para una misma base de aproximadamente 30,000 genes).

3. **D. Cohen.** Sostiene el mismo razonamiento, referente a la ausencia de causalidad directa, y el papel de la cuantificación; agrega dos motivos complementarios:

1. espigamiento separado o alterno de dos ramas de la secuencia de ADN, que puede codificar por separado o de manera alterna para proteínas diferentes, y
2. regiones reguladoras de la transcripción pueden ser más o menos alejadas de la secuencia codificante.

Pero, en lugar de desplazar la cuestión hacia la estadística o hacia el número global, insiste también sobre el papel del ARN (los transcritos, y los reguladores de la transcripción), que son los únicos que tienen una relación con la individualidad de cada uno, mediante las proteínas que sintetizan.

Él también suscita una duda en cuanto avanza una solución (polimorfismo del ARN).

4. **A. Fischer.** Deja la definición al nivel del núcleo biológico y molecular: un gen es una secuencia de ADN, que codifica los ARN, los cuales sintetizan proteínas.

5. **Ph. Froguet.** Desplaza claramente la definición del lado de los fenotipos y de la selección natural: el gen es, para él, una unidad que determi-



na un carácter fenotípico, y, por consiguiente, propone desplazar también el interés del investigador hacia los fenómenos en "desarrollo" (el metaboloma, la maduración y la estructura de las proteínas en su medio ambiente).

Renunció a extraer los elementos de su definición de la estructura bioquímica, así como de las cuestiones de codificaciones o de programación (es decir que "determinando" deja un margen muy grande de apreciación).

6. **J.-Ch. Galloux.** En su calidad de jurista, J.-Ch. Galloux debe tomar en cuenta las dos dimensiones del gen, pero sin preocuparse por su puesta en relación. Para él, en efecto, son dos entidades jurídicamente independientes que relevan de dos dominios diferentes del derecho:

1. Por un lado la estructura bioquímica en su materialidad, que ancla el gen en la categoría de las cosas que se pueden adueñar, y que por lo tanto dependen del derecho de la propiedad privada.

2. Por otro lado, la unidad de información, lo determinante del fenotipo, que coloca el gen en la categoría de las "informaciones privadas", y es por eso que pertenece al ámbito de los derechos inmateriales de la persona.

7. **P. Gaudray.** Retoma en detalle los elementos de la descripción biológica ya conocida, agregándole algunos otros factores de complejidad y de cuantificación: nos preguntamos entonces si, en una definición en extensión, no habría que integrar a lo que llamamos un "gen" de las partes de ADN eliminadas y no transcritas (los intrones), los ARN traductores (ribosomas), los ARN de transferencia (en interfaz entre el ARN transcrito y el aminoácido en la proteína).

Insiste sobre la disimetría del razonamiento, que explica a la vez la creencia (en un vínculo fuerte, en una correlación) y la ausencia de demostración causal:

- Conocemos los genes a partir de los fenotipos (sentido descendente), pero
- No conocemos los fenotipos a partir de los genes (sentido ascendente).

8. **J. Générmont.** Introduce una noción nueva, que permite abordar de manera diferente la relación entre la estructura molecular y su papel genético: se trata de los alelos de la secuencia de ADN; en vez de estar definidos a partir de su estructura biológica, están definidos por dos propiedades funcionales: la isoacción (se trata de una clase de secuencias de ADN que producen el mismo fenotipo) y la homología (se trata de una clase que presenta un número suficiente de rasgos de organización comunes).

Las secuencias biológicas materiales son, a este respecto, simples "motivos contextuales", determinados por su posición sobre un cromosoma.

9. **P.-H. Gouyon.** Retoma la definición por los alelos precisándola: en el interior de un conjunto de genes homólogos, es decir, susceptibles de aparearse y de formar un "locus", una parte de ellos dan el mismo fenotipo: son pues "isoactivos". Es en este conjunto de genes homólogos e isoactivos que definen alelos (los motivos diferentes de estos genes homólogos isoactivos).

El razonamiento busca, evidentemente, resguardar las fases de transición entre la estructura biológica material y la estructura asociada a la selección natural combinando dos reducciones, una ascendente (la homología define una clase de secuencias apareables, un *locus*) y otra descendente (un fenotipo dado que puede corresponder a un gran número de secuencias de ADN, el cual presupone una clase de *isoacción*, la base de todas las secuencias que pueden ser asociadas a este fenotipo).

La reducción ascendente y la reducción descendente se encuentran entonces para imponer una doble reducción definicional al alelo: una definición morfológica (reducción ascendente) y una definición funcional (reducción descendente).

A la vez clase morfológica y clase isoactiva ("predicativa"), el alelo es un actante: no necesita preguntarse, cómo y por qué genera un fenotipo, puesto que su definición es tal; tampoco necesita preguntarse si el responsable es tal secuencia ADN ya que la secuencia de ADN no es sino una realización local y restringida del alelo.

10. **Ph. Jarne.** Retoma la mayoría de los elementos precedentes insistiendo sobre el carácter estadístico de la relación entre genotipo y fenotipo, pero también sobre el carácter aleatorio de la relación entre alelo y el motivo molecular.

11. **B. Jordan.** Definición meramente molecular focalizada sobre la secuencia ADN y, muy en especial, sobre los marcadores de principio y final de la parte transcrita, así como sobre los otros segmentos (de regulación, y no transcritos).

12. **A.Khan.** Escoge radicalizar la duplicidad del gen, proporcionando la composición química de la secuencia ADN (polimerasa formada por nucleótidos, moléculas formadas por base + azúcar + ácido fosfórico), y generalizando la definición funcional a la altura de lo "vivo en general": el gen condiciona la vida, sus particularidades y su evolución (membrana + conjunto determinado + metabolismo + reproductibilidad y variabilidad codificada por los genes).

Es pues, considerando la doble definición con la que la mayoría busca componer o esquivar, la separación máxima: no solamente ya no existe relación entre ambos, sino que, además, cada una de las definiciones está formada de manera enteramente alótopa con relación a la otra.

13. **A.Laganey.** Se limita en constatar el número ilimitado de definiciones y retoma la noción de "unidad de información transmitida".

14. **D. Louvard.** En la relación entre las dos definiciones introduce una variante (control de un fenotipo), pero, en cuanto al resto, utiliza los mismos elementos (unidad de información transmisible pero alterable).

15. **Fr. Rehenmann.** Tal como Jordan, Rehenmann da una definición puramente molecular y focalizada sobre los límites de la secuencia pertinente. Para esto, aísla los "codones" (seguimiento de tres nucleótidos) para las funciones "start" (inicio de transcripción) y "stop" (final de la transcripción): un gen es la secuencia definida por estos dos sitios de inicio.

También regresa sobre la multiplicidad de definiciones, y sobre el carácter estadístico de la relación explicativa.

16. **P. Sonigo.** Retoma la idea de la doble definición (informativa, que permite el "cálculo" de herencia, molecular y material), pero para insistir sobre su irreductible incompatibilidad (el vínculo entre el gen y el carácter observable, bilateral en la primera definición, está determinado y es meramente estadístico en la segunda).

Su conclusión es pues radical: el ADN no lleva genes.

17. **L. Thaler.** Idem: ningún ADN está formado por genes.

18. **J. Warcoin.** Definición puramente biológica y focalizada sobre la determinación de las partes pertinentes: desde el punto de vista de la propiedad industrial hay que delimitar, sobre todo, lo que pertenece al gen (por ejemplo, los intrones que son destruidos en el momento de la transcripción, o las regiones de regulación).

N O T A

¹ *La Recherche*, No. 348, rubro "SAVOIRS".

Jacques Fontanille, Université de Limoges, Institut Universitaire de France. Traducción de Dominique Bertolotti con la asesoría científica de Ivanhoe Gamboa.
Thiodat.fontanille@unilim.fr