

Explicación modeloteórica en Genética Clásica*

Pablo Lorenzano[†]
José A. Díez[‡]

Resumen

El objetivo de este trabajo es analizar el tipo de explicaciones usualmente dadas en ciencia, en especial en biología, tomando como ejemplo a la *Genética Clásica* (GC). Sin embargo, a diferencia de lo que hemos realizado en otro sitio (Díez & Lorenzano, 2020) —de llevar a cabo el análisis dentro del formato tradicional de las explicaciones mediante argumentos (Hempel & Oppenheim, 1948), si bien en el marco de una concepción más satisfactoria y robusta de teoría que la de la “concepción heredada”, a saber: la de las “concepciones semánticas” (o “modeloteóricas”), en especial en la versión del *estructuralismo metateórico* (EM)—, aquí utilizaremos un enfoque más actual y connatural al análisis de las teorías allí utilizado, a saber: el *enfoque modeloteórico de explicación*, en una de sus versiones: la del tratamiento de las explicaciones como *subsunciones nomológicas ampliativas y especializadas* (SAE) (Díez, 2014). Sostenemos que este tipo de análisis permite entender mejor las explicaciones dadas en GC, clarificando los aspectos que han sido señalados como intrigantes, así como también eliminando las supuestas peculiaridades, de las explicaciones genéticas.

Introducción

En un trabajo anterior (Díez & Lorenzano, 2020), analizamos el tipo de explicaciones usualmente dados en ciencia, en especial en biología, tomando como ejemplo a la *Genética Clásica* (GC).¹ Utilizamos para ello el formato tradicional de las explicaciones

.....
* Este trabajo ha sido realizado con la ayuda de los proyectos de investigación PICT-2014 No. 1741 (ANPCyT, Argentina), PID2020-115114GB-I00 (España) y AEI CEX2021-001169-M.

† Centro de Estudios de Filosofía e Historia de la Ciencia (CEFHIC), Universidad Nacional de Quilmes/CO-NICET, Argentina. Para contactar al autor, por favor, escribir a pablo.lorenzano@gmail.com.

‡ Logos Group, Universidad de Barcelona, España. Para contactar al autor, por favor, escribir a diez.ja@gmail.com.

¹ El alcance de ese trabajo, al igual que el de éste, se limita al “corazón” de la *Genética Clásica*, a saber, “la teoría de la genética de transmisión” (Kitcher, 1984), dejando así de lado las otras subteorías que surgen de esta teoría, tales como la teoría del *mapeo genético* (Kitcher, 1984; Weber, 1998) y la teoría de la *mutación*

mediante argumentos (Hempel & Oppenheim, 1948). Allí señalamos que el análisis de las explicaciones dadas en la ciencia en general, y en **GC**, también podía ser realizado dentro de un enfoque más actual y connatural al análisis de las teorías allí utilizado, a saber: el enfoque modeloteórico de explicación (cf. Balzer, Moulines & Sneed, 1987; Bartelborth, 1996a, 1996b; Forge, 2002; Moulines, 2005; Lorenzano, 2005; Díez, 2002, 2014).

El objetivo de este trabajo es retomar ese señalamiento, analizando el tipo de explicaciones usualmente dado en ciencia, en especial en biología, tomando como ejemplo a **GC**, pero utilizando para ello una de las versiones del *enfoque modeloteórico de explicación*, a saber: el tratamiento de las explicaciones como *subsunciones nomológicas ampliativas y especializadas* (**SAE**) (Díez, 2014).

Para ello, en primer lugar, resumiremos los principales aspectos discutidos en la literatura con respecto a las peculiaridades de las explicaciones en Biología en general y en Genética Clásica en particular. En segundo lugar, haremos una caracterización general de **GC** y presentaremos algunas de sus explicaciones paradigmáticas. Luego, en tercer lugar, introduciremos algunas de las nociones básicas del estructuralismo metateórico (**EM**), en particular, las de ley fundamental o principio-guía, especialización, ley especial y red teórica. En cuarto lugar, presentaremos la red teórica de **GC**. A continuación, en quinto lugar, introduciremos la elucidación de la explicación científica como subsunción nomológica ampliativa y especializada (**SAE**). Pasaremos luego, en sexto lugar, al tratamiento de las explicaciones en **GC** mediante dicho enfoque. Por último, concluiremos con una breve discusión del análisis presentado en términos de **SAE** afirmando que arroja luz sobre los aspectos intrigantes de las explicaciones genéticas y que realiza un tratamiento más completo y satisfactorio que cualquiera de las alternativas disponibles en la actualidad.

Algunas supuestas peculiaridades de las explicaciones en Biología en general y en Genética Clásica en particular

Las explicaciones en biología tienen aspectos que resultan intrigantes tanto para los biólogos como para los filósofos. Una conocida antología sobre la explicación en biología resume así los principales problemas:

Estos [cuatro] problemas [más destacados] están relacionados con (1) si existen leyes naturales en biología, (2) si la causalidad desempeña un papel explicativo específico en biología, (3) si también son necesarias otras formas de explicación —por ejemplo, funcional o teleológica—, y (4) si el reciente modelo de explicación de tipo mecanicista que reúne alguna forma de generalizaciones legaliformes y de causalidad cumple todas las expectativas. (Brillard & Malaterre, 2015, p. 9)

.....

(Kitcher, 1984), u otras “estrategias de investigación”, como el “enfoque genético” (Waters, 2004); así es como la expresión “Genética Clásica” debe entenderse en lo que sigue.

Con respecto a la genética, dos aspectos principales discutidos en la literatura sobre explicaciones en *Genética Clásica* (GC) son la presencia/ausencia de leyes en sus *explanantia* (cf., por ejemplo, Smart, 1963; Ruse, 1970; Rosenberg, 1994, 2001; Brandon, 1997), y la supuesta naturaleza no totalmente causal (funcional o de otro tipo) de tales explicaciones (cf., p.e., Schaffner, 1993; Waters, 2004).

En cuanto al uso de leyes, la principal objeción procede de quienes niegan la existencia de leyes en la biología en general, y en la genética en particular. En cuanto a la inexistencia de leyes en la biología en general, las principales razones aducidas para tal opinión son la localidad o no-universalidad de las generalizaciones en biología (Smart, 1963) y su supuesta contingencia (Beatty, 1995). Con respecto a la existencia de leyes en genética en particular, debemos distinguir entre la afirmación de que no hay leyes en GC en absoluto, que es difícilmente sostenible dadas al menos las llamadas “leyes de Mendel”, y la afirmación más comúnmente sostenida y discutida de que no hay principios nomológicos fundamentales y/o generales en genética (para una discusión, véase Lorenzano, 2006, 2007).

En cuanto a la no-universalidad de las generalizaciones biológicas, sostenemos que la universalidad es una condición demasiado exigente. Lo que importa no es la universalidad estricta, sino más bien la existencia de generalizaciones al menos no-accidentales que apoyen contrafácticos, cuya presencia en biología pensamos que es difícilmente negable, aunque generalmente estén más restringidas al dominio y sean más dependientes *ceteris paribus* que en otros campos, como la mecánica o la termodinámica. Muchos filósofos de la biología, y también de la física, aceptan un sentido más amplio de legalidad que no requiere que las generalizaciones no-accidentales sean universales y sin excepciones para calificarlas como leyes (Carrier, 1995; Mitchell, 1997; Lange, 1995, 2000; Dorato, 2005, 2012; Craver & Kaiser 2013; Lorenzano, 2014-2015). Nuestra caracterización mínima de las leyes como *regularidades que apoyan contrafácticos* es similar a la defendida en Dorato (2012), y también es compatible con algunas propuestas sobre leyes en biología en particular, como la “paradigmática” (Carrier, 1995) y la “pragmática” (Mitchell, 1997). En cuanto a la genética específicamente, algunos autores que sostienen que no hay leyes en GC en un sentido estricto (véase, por ejemplo, Kitcher, 1984; Darden, 1996, en contra de la existencia de leyes fundamentales en GC) al mismo tiempo dan cuenta de la explicación en GC que involucra patrones nomológicos (Kitcher, 1989, 1993), involucrando así regularidades nomológicas, es decir, regularidades no-accidentales, que proporcionan apoyo contrafáctico en un sentido amplio. Todo lo que necesitamos, a este respecto, es la aceptación de que GC hace uso de regularidades con fuerza contrafáctica, independientemente de si esta fuerza modal se explica, a su vez, en términos causales o de otro tipo.

Se puede argumentar que, incluso aceptando la existencia de regularidades nomológicas y contrafácticas en genética, las explicaciones genéticas no son nomológicas porque (*contra*, por ejemplo, Kitcher, 1984) simplemente no incluyen tales regularidades en sus explicaciones. Las explicaciones genéticas, dice la objeción, son causales, o

funcionales, o teleológicas, o mecanicistas, etc., todo ello en un sentido que no requiere regularidades nomológicas. No creemos que esta objeción sea sólida. Como se ha argumentado, las explicaciones mecanicistas, por ejemplo, requieren o involucran leyes (cf. p.e. Leuridan, 2010; Craver & Kaiser, 2013); y consideraciones similares se aplican a las explicaciones funcionales, teleológicas o incluso causales. Sin embargo, no vamos a entrar, ni siquiera a revisar, estos debates, sino que procederemos por ejemplificación. Mostraremos que las explicaciones en Genética Clásica, adecuadamente reconstruidas, ponen de manifiesto el hecho de que hacen un uso esencial de generalizaciones que dan apoyo contrafáctico, calificando así como explicaciones nomológicas. Dicha reconstrucción se hará dentro del marco de uno de los enfoques modeloteóricos, el del estructuralismo metateórico (EM), a través de la noción de subsunción ampliativa y especializada (SAE).²

Caracterización general de la Genética Clásica y algunas de sus aplicaciones paradigmáticas

La *Genética Clásica* (de transmisión) (GC) fue inicialmente desarrollada por Morgan y discípulos entre los años 1910-1915 (Morgan et al., 1915). Ésta es una teoría acerca de la transmisión hereditaria en la que se sigue la transmisión de ciertos rasgos o características (fenotipo) de generación en generación de individuos. Habla de *individuos* (conjuntos de plantas o animales, relacionados entre sí por conexiones especificadas de descendencia, que constituyen poblaciones vinculadas por relaciones de consanguinidad, denominadas “familias”) (*J*), y de ciertos *rasgos* o *características* (*P*) *poseídos por ellos* (*APP*), individuos que se *crucan* y tienen *descendencia* (*MAT*), que también posee ciertos *rasgos* o *características* (*P*), y en donde se disciernen razones numéricas, proporciones o frecuencias relativas en la *distribución* de esas características en la descendencia (*DIST*).

Las conexiones entre sus distintos componentes pueden ser gráficamente representadas de la siguiente manera (en donde los rectángulos representan los conjuntos base u “ontología” de GC y las flechas las funciones definidas sobre ellos) (ver Figura 1).

.....

² La exposición de los distintos enfoques sobre las explicaciones científicas y de su comparación en términos generales con SAE exceden los límites de este trabajo. Sin embargo, para un resumen de la comparación general de SAE, que se presenta como opción superadora respecto de otras alternativas, tales como el modelo hempeliano, el causalismo y el unificacionismo, y el señalamiento de las ventajas relativas de SAE, cf. Díez (2014). Para una comparación de la capacidad unificadora en la propuesta de Kitcher con la resultante de EM y del mejor tratamiento en este último de la capacidad unificadora presente en los casos de la teoría de la selección natural, la teoría del origen común y GC, cf. Blanco, Ginnobili y Lorenzano (2019). En tanto que, para una breve comparación de las ventajas de SAE en su aplicación particular al caso de GC respecto de otros enfoques sobre la explicación científica presentes en la literatura, ver el inicio de la sección 6.

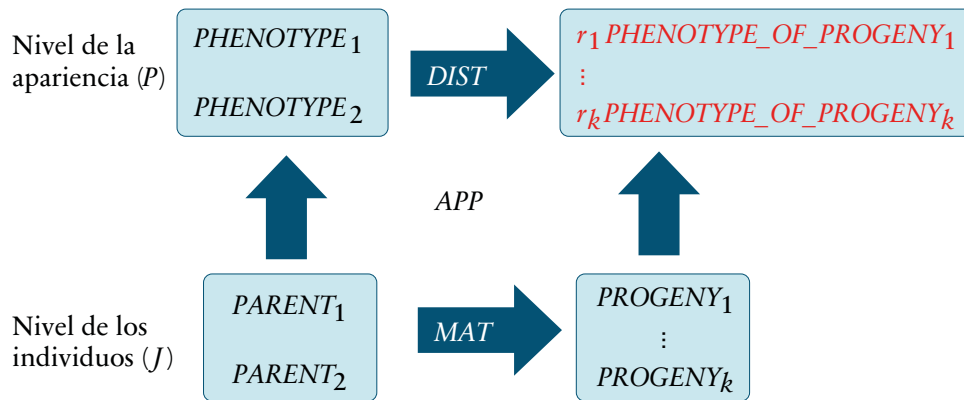


Figura 1.

Ejemplos de *explananda* de GC son:

- 1) El *color de*(l albumen de) *las semillas de las arvejas*: plantas de arvejas pertenecientes a la primera generación filial F_1 , con el color amarillo de(l albumen de) las semillas, que son autofecundadas y producen descendencia que tiene una proporción 3:1 de (albumen de) las semillas con color amarillo ($\frac{3}{4}$) y (albumen de) las semillas con color verde ($\frac{1}{4}$) en la segunda generación filial F_2 (Mendel, 1865, pp. 9-12).³
- 2) El *color de las flores del Dondiego de la noche* (*Mirabilis jalapa* o Maravilla del Perú): plantas del Dondiego de la noche pertenecientes a la primera generación filial F_1 , con flores rosas, que son autofecundadas y producen descendencia que tiene una proporción 1:2:1 de flores color rojo, rosa y blanco en la segunda generación filial F_2 (Correns, 1905, p. 18).
- 3) El *color y la forma de las semillas de las arvejas*: plantas de arvejas pertenecientes a la primera generación filial F_1 , con color amarillo y forma redonda de las semillas, que son autofecundadas y producen descendencia que tiene una proporción 9:3:3:1 en la segunda generación filial F_2 , teniendo $\frac{9}{16}$ de la descendencia color amarillo y forma redonda de las semillas, $\frac{3}{16}$ color amarillo y forma angular de las semillas, $\frac{3}{16}$ color verde y forma redonda de las semillas y $\frac{1}{16}$ color amarillo y forma angular de las semillas (Mendel, 1865, pp. 19-21).
- 4) El *color y la forma de las semillas y el color de las flores de las arvejas*: plantas de arvejas pertenecientes a la primera generación filial F_1 , con color amarillo y forma redonda de las semillas, y flores coloreadas, que son autofecundadas y producen descendencia que tiene una proporción 27:9:9:9:3:3:3:1 en la

³ Aquí y en los ejemplos siguientes nos referimos a aquello que es usualmente considerado como las primeras formulaciones de los *explananda* de GC, con independencia de si los propios autores se plantearon las mismas preguntas respecto de ellos y, por supuesto, menos aún, de si éstos proporcionaron los explanantia del modo presentado más adelante.

segunda generación filial F_2 , teniendo $\frac{27}{64}$ de la descendencia semillas amarillas y redondas y flores coloreadas, $\frac{9}{64}$ semillas amarillas y redondas y flores blancas, $\frac{9}{64}$ semillas verdes y redondas y flores coloreadas, $\frac{9}{64}$ semillas amarillas y angulares y flores coloreadas, $\frac{3}{64}$ semillas verdes y redondas y flores blancas, $\frac{3}{64}$ semillas amarillas y angulares y flores blancas, $\frac{3}{64}$ semillas verdes y angulares y flores coloreadas y $\frac{1}{64}$ semillas verdes y angulares y flores blancas (Mendel, 1865, pp. 21-22).

Para dar cuenta de las distribuciones de las características en la descendencia (o sea, de las razones numéricas, proporciones o frecuencias relativas), se postulan teóricamente (ver Figura 2):

- (i) tipos y números apropiados de factores o genes (G : $GENOTYPE_1$, $GENOTYPE_2$, $GENOTYPE_OF_PROGENY_1$, $GENOTYPE_OF_PROGENY_s$),
- (ii) el modo en que se distribuyen en la descendencia (como probabilidades esperadas o teóricas, con combinaciones de factores o genes con igual probabilidad o no) ($COMB$), y
- (iii) la relación específica en la que se encuentran con las características de los individuos (con dominancia completa o incompleta, codominancia o epistasis).

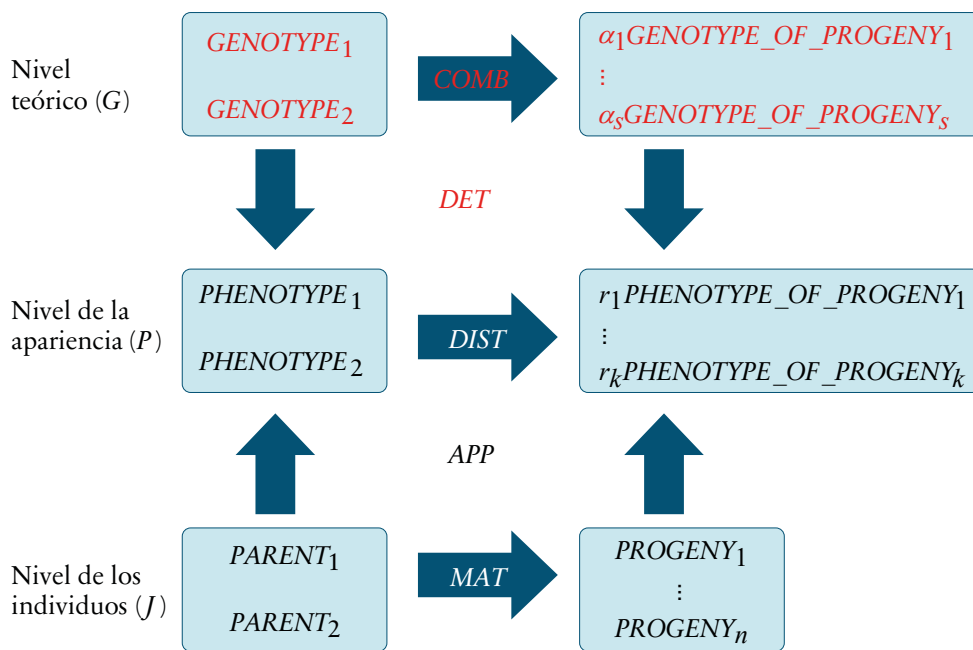


Figura 2.

Todos los *explananda* presentados antes pueden ser explicados si se introducen las siguientes hipótesis teóricas apropiadas, para los casos:

- 1) Que (i) las plantas de arvejas en la primera generación filial F_1 sean heterocigóticas con respecto a los factores para el color de(l albumen de) las semillas, (ii) las combinaciones de sus factores en la descendencia sean equiprobables, y (iii) los factores para el color amarillo de(l albumen de) las semillas sean dominantes sobre los factores para el color verde de(l albumen de) las semillas (ver Sinnott & Dunn, 1925, pp. 40-41, 45-50 para una explicación GC estándar de dicho *explanandum*; y Hartwell et al., 2017, pp. 21-24, para una presentación actual de ella).⁴³
- 2) Que (i) las plantas en la primera generación filial F_1 sean heterocigóticas con respecto a los factores para el color de las flores, (ii) las combinaciones de sus factores en la descendencia sean equiprobables, y (iii) los factores para el color rojo de las flores posean dominancia incompleta sobre los factores para el color blanco de las flores (Morgan et al., 1915, pp. 27-28; Brooker, 2018, p. 82).
- 3) Que (i) las plantas en la primera generación filial F_1 sean heterocigóticas con respecto a los factores para el color de(l albumen) y para la forma de las semillas, (ii) las combinaciones de sus factores en la descendencia sean equiprobables, y (iii) los factores para el color amarillo de(l albumen de) las semillas sean dominantes sobre los factores para el color verde de(l albumen de) las semillas y que los factores para la forma redonda de las semillas sean dominantes sobre los factores para la forma angular de las semillas (Sinnott & Dunn, 1925, pp. 63-69; Klug et al., 2019, pp. 42-43).
- 4) Que (i) las plantas en la primera generación filial F_1 sean heterocigóticas con respecto a los factores para el color de(l albumen), para el color de las flores y para la forma de las semillas, (ii) las combinaciones de sus factores en la descendencia sean equiprobables, y (iii) los factores para el color amarillo de(l albumen de) las semillas sean dominantes sobre los factores para el color verde de(l albumen de) las semillas, que los factores para las flores con color sean dominantes sobre los factores para las flores blancas y que los factores para la forma redonda de las semillas sean dominantes sobre los factores para la forma angular de las semillas (Sinnott & Dunn, 1925, pp. 72-74; Hartl & Cochrane, 2019, pp. 89-91).

En todos los *explanantia* de las explicaciones de GC sólo aparecen las hipótesis específicas mencionadas, y esto es todo lo que tenemos en los libros de texto estándar. Sin embargo, quisiéramos sugerir que ellas son versiones específicas de una ley fundamental general o principio-guía para las explicaciones en cuestión. No obstante lo cual, en contraste con otras teorías empíricas, tales como aquellas que pertenecen a la física

.....

⁴ Aquí y en los ejemplos siguientes nos referimos primero a sus explicaciones GC estándar pasadas y luego a las presentes.

tales como la mecánica clásica de partículas o la termodinámica,⁵ la ley fundamental/principio-guía de GC no se “observa” en la literatura estándar, sino que sólo está allí de manera “implícita”. De este modo, la Genética Clásica (GC) es guiada por un principio-guía general, implícitamente presupuesto en explicaciones específicas de GC, de un modo similar a como ocurre con otras teorías unificadas, cuya estructura puede ser representada mediante una red teórica, del tipo de la caracterizada en la próxima sección.

Teorías basadas en leyes fundamentales/principios-guía

La idea de que en teorías altamente unificadas, para resolver problemas específicos/llevar a cabo aplicaciones específicas, son usadas algunas “leyes específicas”, que son las formas específicas que adoptan las generalizaciones, que más que leyes son “esquemas de leyes”, fue propuesta por Kuhn:

[...] generalizaciones [como $f = ma...$] no son tanto generalizaciones como esbozos de generalizaciones, formas esquemáticas cuya expresión simbólica detallada varía de una aplicación a la siguiente. Para el problema de la caída libre, $f = ma$ se transforma en $mg = md^2s/dt^2$. Para el péndulo simple, se transforma en $mg\sin\theta = -md^2s/dt^2$. Para los osciladores armónicos acoplados, se transforma en dos ecuaciones, la primera de las cuales puede ser escrita como $m_1d^2s_1/dt^2 + k_1s_1 = k_2(d + s_2 - s_1)$. Problemas mecánicos más interesantes, como por ejemplo el movimiento de un giróscopo, mostrarían una disparidad aun mayor de $f = ma$ y la generalización simbólica actual a la que se aplican la lógica y las matemáticas. (Kuhn, 1974, p. 465)

Esta idea kuhniana ha sido elaborada en detalle por el estructuralismo metateórico con las nociones de *ley fundamental/principio-guía*, *leyes especiales*, *especialización* y *red teórica*, y ha sido aplicada a diversas teorías suficientemente robustas y unificadas. La mayoría de las teorías son sistemas fuertemente jerárquicos —que forman un tipo de red—, con leyes de muy diferentes grados de generalidad dentro del mismo marco conceptual. Por lo general hay una sola ley fundamental o principio-guía ‘en la cúspide’ de la jerarquía y una serie de leyes más especiales —que se aplican a situaciones específicas—.

Muy brevemente, podemos mencionar seis características o criterios para que un enunciado pueda considerarse una ley fundamental/principio-guía en el sentido estructuralista (para una presentación detallada, cf. Lorenzano, 2006, 2007, 2014-2015, 2020):

- 1) *Carácter sinóptico*, esto es, involucran todos los conceptos de la teoría.
- 2) *Validez en toda aplicación intencional*: trabajar dentro de una teoría es intentar encontrar explicaciones de los fenómenos que se consideran que son objeto

.....
⁵ Para un análisis de estas teorías desde un punto de vista de EM, cf. entre otros Balzer, Moulines y Sneed (1987).

de estudio de dicha teoría, y ello consiste en intentar encontrar una u otra especialización del principio guía para cada fenómeno.

- 3) *Carácter cuasi-vacuo*: su estructura esquemática hace que sólo sean contrastables empíricamente a través de sus especializaciones, consideradas aisladamente son “empíricamente irrestrictas” (Moulines, 1978).
- 4) *Papel sistematizador o unificador*: las leyes fundamentales posibilitan incluir dentro de una misma teoría diversas aplicaciones, al proveer una guía y un marco conceptual para la formulación de diferentes leyes especiales para los diferentes sistemas empíricos de los que la teoría quiere dar cuenta.
- 5) *Fuerza modal*: las leyes fundamentales expresan regularidades no-accidentales, susceptibles de dar apoyo a contrafácticos.
- 6) *Carácter heurístico*: las leyes fundamentales/principios-guía son “programáticas” o “heurísticas” en el sentido que nos dicen el tipo de cosas que debiéramos buscar si queremos explicar un fenómeno específico.

Es digno de enfatizarse que la relación arriba-abajo *no* es una de implicación o derivación, sino de *especialización* en el sentido estructuralista (Balzer, Moulines & Sneed, 1987, cap. IV): las leyes de abajo son versiones específicas de las de arriba, i.e. especifican algunas dependencias funcionales que son dejadas parcialmente abiertas en las leyes de arriba de la rama.

La estructura resultante de una teoría puede ser representada como una red, en donde los nodos están dados por los diferentes elementos teóricos, y las cuerdas representan las diferentes relaciones de especialización.

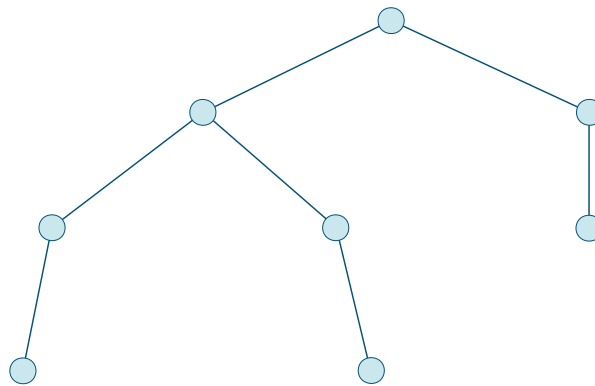


Figura 3.

Una red teórica **N** expresa la estructura compleja jerárquica de una teoría desde un punto de vista estático o *sincrónico*.

La red teórica de la Genética Clásica

Al igual que otras teorías empíricas unificadas robustas **GC** es una teoría basada en una ley fundamental/principio-guía. Dicha ley fundamental/principio-guía de la Genética Clásica (**PGGC**), presupuesta implícitamente en explicaciones/aplicaciones específicas de **GC**, afirma, de manera intuitiva, lo siguiente:

PGGC: Las características estadísticamente en común de progenitores y descendientes (dadas por las distribuciones de características en la descendencia) se deben a (i) la presencia en los progenitores de factores/genes, (ii) la distribución de factores de los progenitores en la descendencia, y (iii) una relación de “determinación” entre factores específicos y características específicas, de modo tal que las distribuciones de los factores “conducen” (“*match*”/“*fit*”) (de una manera específica a ser determinada) con las distribuciones de las características.

Más formalmente:

PGGC: Dados J y P , existen s genotipos G , s funciones $COMB$ y k funciones DET , tales que para toda $i, i' \in J$ tal que MAT esté definido para $\langle i, i' \rangle$ y para toda $\gamma, \gamma' \in G$ tal que $DET(\gamma) = APP(i)$ y $DET(\gamma') = APP(i')$:

$$COMB(\gamma, \gamma') = DIST(DET(\gamma), DET(\gamma'))$$

Su carácter heurístico, indica el *tipo de cosas* que debiéramos buscar si queremos explicar un fenómeno específico:

Cuando enfrente una distribución estadística específica de características específicas (fenotipo) en la descendencia, busca factores/genes (genotipos) responsables de las características en los progenitores que combinados de manera específica en la descendencia “conducen” con la distribución de las características en la descendencia.

A fin de dar cuenta de las distribuciones de las características parentales en la descendencia, deben especificarse los siguientes parámetros:

- (i) el tipo y número de pares de factores/genes involucrados (uno o más),
- (ii) cómo se distribuyen los factores/genes paternos en la descendencia (con combinaciones de genes equiprobables o no), y
- (iii) el modo en que los factores/genes (genotipos) se relacionan con las características (fenotipos) (dominancia completa o incompleta, codominancia o epistasia).

Cuando se llevan a cabo estos tres tipos de especificaciones, se obtienen *leyes especiales terminales*. Ellas son las que figuran en aplicaciones específicas de **GC**. Así, tenemos una versión/aplicación específica de esta “ley”, i.e. una ley especial, para cada tipo de ejemplo paradigmático de explicación presentado antes. En tanto principio-guía, ha sido implícitamente *aceptado como válido en toda aplicación de la teoría* guiando el proceso de especialización que da lugar a las diferentes leyes terminales que conforma la red teórica de **GC**, que presenta aproximadamente la siguiente forma (representamos la parte correspondiente a los ejemplos dados en la sección 3, señalándolos en rojo, y algunos más, mencionados más adelante) (ver Lorenzano, 1995, 2000; y Balzer & Lorenzano, 2000, para una representación más completa):

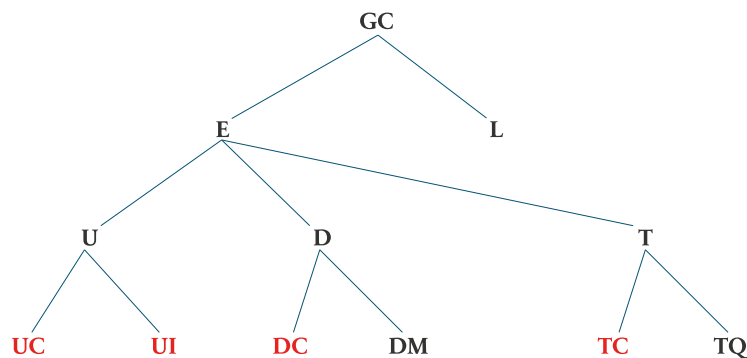


Figura 4.

En un primer nivel de especialización de la red teórica de **GC** tenemos o bien que todas las combinaciones de factores tienen igual probabilidad (**E**) o bien no todas las combinaciones de factores igualmente probables, i.e. tiene lugar “enlace” (“*linkage*”) (**L**), como el *Color de las flores y longitud del grano de polen de las arvejas*. Por otro lado, podemos especializar **E** aún más. Así, en un segundo nivel de especialización de la red teórica de **GC**, se puede considerar que o bien sólo un par de factores están involucrados en la determinación de las características, y que hay cuatro distintas posibles combinaciones de factores (**U**), o que dos pares de factores están involucrados en la determinación de las características, y que hay dieciséis distintas posibles combinaciones de factores (**D**), o que tres pares de factores están involucrados en la determinación de las características, y que hay sesenta y cuatro distintas posibles combinaciones de factores (**T**). En un tercer nivel de especialización de la red teórica de **GC** se alcanza el nivel de las especializaciones terminales. Si se especializa **U** todavía más, podemos tener o bien casos de dominancia completa (**UC**), como en el *Color de(l albumen de) las semillas de las arvejas* de la sección 3, o casos de dominancia incompleta (**UI**), como en el *Color de Mirabilis jalapa* de la sección 3. Si se especializa **D** aún más, podemos tener o bien casos de dominancia completa (**DC**), como en el *Color y forma de las semillas de las arvejas* de la sección 3, o casos de herencia multifactorial (**DM**), como en la *Forma de la cresta de los gallos*. Si se especializa **T** todavía más, podemos tener o bien casos de dominancia completa (**TC**), como en el *Color y*

forma de las semillas y color de las flores de las arvejas de la sección 3, o casos de características cuantitativas (TQ), como en el *Color de los granos en el trigo*.

La explicación científica como subsunción ampliativa y especializada

Sostenemos que estos rasgos de las explicaciones de GC no son elucidados satisfactoriamente por ninguna elucidación específica de la explicación científica dominante en la literatura, ya sea mecanicista, manipulativista (o cualquier otra explicación causal específica), funcional, teleológica, unificacionista o de relevancia estadística. El principal enfoque aplicado hoy en día en biología, el enfoque mecanicista, no se ajusta a GC, ya que la relación clásica entre genes/factores y fenotipos no es mecanicista de ninguna manera no *ad-hoc*. Otros tratamientos causalistas, como el manipulativismo, pueden aplicarse bien a algunos aspectos de las explicaciones de GC, pero guardan silencio ante otros aspectos/componentes, como las distribuciones génicas. El unificacionismo no especifica la estructura unificadora de las teorías basadas en principios-guía. Las explicaciones funcionales y teleológicas no lo hacen mejor. Proponemos elucidar las explicaciones de GC como un caso particular de una elucidación muy general de las explicaciones en ciencias empíricas como subsunciones ampliativas y especializadas (enfoque SAE), tal como se elabora en Díez (2014) desarrollando algunas ideas modeloteóricas estructuralistas.

La idea básica del enfoque modeloteórico de explicación (Balzer, Moulines & Sneed, 1987; Bartelborth, 1996a, 1996b; Forge, 2002; Díez, 2014) es muy simple: explicar un fenómeno consiste en subsumirlo en un patrón nómico dentro de una red teórica (o sea, en algún modelo de la red teórica), i.e. en subsumir el fenómeno en alguna rama de una red teórica.⁶

Aquí *explanandum* y *explanans* son ciertos tipos de modelos/estructuras, siendo el primero el modelo de datos, MD, que queremos explicar; el segundo, el modelo teórico, MT, definido por ciertas leyes y, cuando sea necesario, condiciones iniciales. Sea $MD = \langle D_1, \dots, D_v, f_1, \dots, f_v \rangle$ el *explanandum*: un modelo de datos consistente en varios dominios de entidades y ciertas funciones definidas sobre ellos; y $MT = \langle D_1, \dots, D_\mu, g_1, \dots, g_\mu \rangle$, el modelo teórico ($m \geq n$, más adelante). Por ejemplo, en el caso paradigmático Tierra-Luna de la mecánica clásica (MC), el *explanandum* es el modelo que representa la trayectoria espacio-temporal de la Luna alrededor de la Tierra realmente medida, y el *explanans* es el modelo mecánico que incluye masas y fuerzas y está definido por ciertas leyes mecánicas. Explicamos la trayectoria de la Luna cuando la subsumimos en el sistema mecánico, es decir, *grosso modo*, cuando “obtenemos” la trayectoria cinemática, medida independientemente de las leyes mecánicas, “a partir” del modelo mecánico teórico. En el caso más sen-

.....
⁶ La subsunción tendría lugar *idealmente*, de forma exacta, pero como muchos han subrayado esto es en general poco realista ya que siempre hay *idealizaciones* y *aproximaciones* implicadas. No entraremos aquí en esta complicación. Para un tratamiento estructuralista de estas características, véase Balzer, Moulines & Sneed (1987), cap. VII.

cillo, dejando a un lado las idealizaciones, esto significa que encontramos que el modelo de datos forma parte (un submodelo) del modelo teórico.

Esta idea básica es la versión modeloteórica de la condición Hempeliana de “esperabilidad” nomológica (recuérdese que el sentido de “nomológico” aquí es muy débil, meramente el uso de regularidades no-accidentales en la definición de los modelos *explanantia*). Puesto que la medición/determinación de los modelos *explananda* se realiza sin presuponer la validez de las leyes que definen los modelos *explanantia*, el éxito de la subsunción no está asegurado a priori, es decir, la pretensión de subsunción es falible.

Al igual que sucede con la simple esperabilidad nomológica de Hempel, la mera subsunción modeloteórica nomológica no es suficiente para la explicación. Hay esperabilidades nomológicas, subsunciones exitosas, que no son explicativas. Aparte de los conocidos contraejemplos a Hempel (cf. Salmon, 1989), queremos resaltar aquí los casos de teorías meramente descriptivas o fenomenológicas, como la cinemática galileana o la astronomía kepleriana. Por ejemplo, podemos predecir posiciones posteriores de los planetas a partir de posiciones anteriores y las leyes de Kepler, pero estas predicciones/subsunciones nomológicas no son explicativas. Análogamente con las leyes de Galileo. Aquí es donde entra en juego el tratamiento **SAE** de Díez (2014), que introduce restricciones adicionales para que una subsunción nomológica sea explicativa.

La primera de estas condiciones es la “ampliatividad”. La subsunción debe ser *ampliativa*: el sistema-*explanans* debe introducir una nueva maquinaria (conceptual o, si lo preferimos, ontológica) con respecto a la que ya está presente en el sistema-*explanandum*. La diferencia entre, por ejemplo, las subsunciones/predicciones no-explicativas keplerianas y las explicativas newtonianas es que las primeras predicen fenómenos espacio-temporales (trayectorias de planetas) a partir de regularidades espacio-temporales (leyes de Kepler) y condiciones iniciales espacio-temporales, mientras que las segundas predicen trayectorias espacio-temporales mediante la introducción en el modelo teórico de parámetros dinámicos, es decir, masas y fuerzas, que no forman parte del *explanandum*. Así, típicamente una teoría explicativa, además de usar términos **T**-no-teóricos (utilizados por **T** pero cuya determinación/medición no requiere el uso de leyes de **T**), en sus modelos teóricos introducen entidades **T**-teóricas que realizan el trabajo explicativo: **T** explica los datos de **T**, datos consistentes en los valores de ciertas propiedades/funciones determinadas **T**-independientemente, postulando la existencia de entidades **T**-teóricas adicionales que interactúan con las **T**-no-teóricas en la forma especificada por las leyes de **T**.

La ampliatividad, sin embargo, no es suficiente. Para excluir las subsunciones *ad hoc*, puramente formales, no realmente empíricas, se necesita una segunda condición relacionada con la distinción entre principios guía y leyes especiales. Por ejemplo, si la única restricción para la subsunción en **MC** fuera su ley fundamental/principio-guía, la Segunda Ley de Newton ($\sum f = m \cdot a$), entonces con sólo un poco de habilidad matemática seríamos capaces de subsumir cualquier trayectoria, por disparatada que fuera, ideando una serie de funciones, por extrañas que fueran, cuya suma vectorial subsumiría la trayectoria en **MC**. Estas subsunciones no serían “realmente” empíricas, sino meros ejercicios

matemáticos. Para tener subsunciones genuinamente empíricas, se debe utilizar alguna *especialización* específica del principio-guía. Estas especializaciones son las que introducen las restricciones empíricas específicas. Así, por ejemplo, en mecánica, para tener una subsunción explicativa realmente empírica, debe utilizarse una especialización específica de la Segunda Ley de Newton, no se permite cualquier función matemática (disparatada). Qué especializaciones están permitidas es algo que los teóricos “establecen” (a menudo sólo implícitamente) en su práctica científica al desarrollar la red teórica.

El siguiente gráfico representa la red teórica de **MC** (en un cierto momento histórico), mostrando simplifícadamente sólo algunos nodos terminales, pero que bastan para la presente ejemplificación. Allí señalamos en rojo, primero, su ley fundamental/principio-guía —la Segunda Ley de Newton—, ‘en la cúspide,’ y luego, hacia abajo, las sucesivas especializaciones —fuerzas dependientes de la distancia, fuerzas inversamente dependientes de la distancia, fuerzas cuadráticamente inversamente dependientes de la distancia— hasta alcanzar la ley especial que se aplica al caso en cuestión —ley de gravitación universal—. El modelo de datos *MDMC(TL)* —que representa la trayectoria espacio-temporal de la Luna y su aceleración medida efectivamente alrededor de la Tierra— se subsume (aproximadamente) en el modelo teórico *MTMC(TL)* —representado por la correspondiente especialización terminal de la ley de gravitación universal, en donde *todos* sus términos/conceptos se encuentran especificados, i.e., no sólo los conceptos **MC**-no-teóricos, presentes en el modelo de datos *MDMC(TL)*, *P*, *T*, *s*, sino también sus conceptos **MC**-teóricos, las funciones dinámicas, *m* y *F* (masas específicas de la Tierra y la Luna y la fuerza gravitatoria):

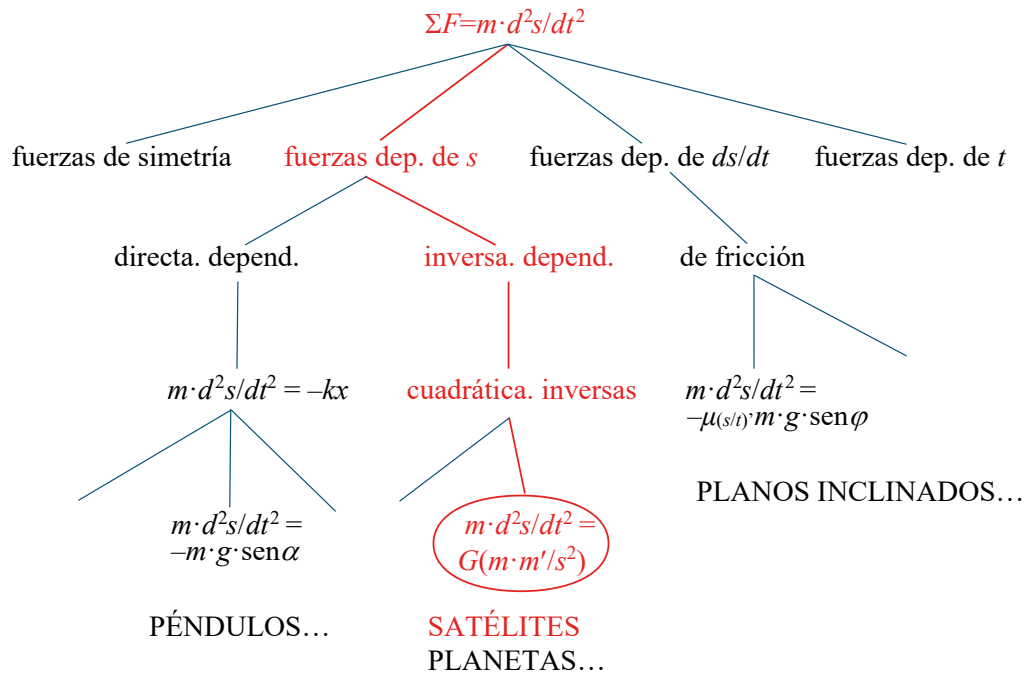


Figura 5.

Análisis de las explicaciones en Genética Clásica como subsunciones ampliativas y especializadas

En nuestro caso genético, el sistema-*explanandum* es el *modelo de datos* que describe cierta transmisión de rasgos o características (fenotipos) —representado esquemáticamente en la Figura 1— y el sistema-*explanans* es el *modelo teórico* que incluye los genes (genotipos) y está definido por ciertas leyes genéticas (la “ley de concordancia” y sus especializaciones) —representado esquemáticamente en la Figura 2—. Explicamos la transmisión de rasgos o características si conseguimos subsumir el modelo de datos en el teórico, es decir, si obtenemos la secuencia de fenotipos observada a partir del modelo genético. O sea, del mismo modo en que explicamos la trayectoria espacio-temporal de la Luna y su aceleración medida efectivamente alrededor de la Tierra —el modelo de datos $MD_{MX}(TL)$ — subsumiéndolo en (aproximadamente) en la correspondiente especialización terminal de la ley de gravitación universal, en donde *todos* sus términos/conceptos se encuentran especificados —el modelo teórico $MT_{MX}(TL)$ —, explicamos el color del albumen de la semilla en las arvejas (representado por una estructura/modelo de datos del tipo $\langle J, P, APP, MAT, DIST \rangle$) subsumiéndolo en alguna rama de la red teoría **GC**, es decir, en algunos de sus modelos, representados por una estructura/modelo teórico del tipo $\langle J, P, G, APP, MAT, DIST, DET, COMB \rangle$.

Pero veamos con más detalle ese caso particular. El sistema considerado consiste en un conjunto, J , de individuos (plantas o animales en general, arvejas en este caso, padres e hijos), que forman los objetos implicados en esta aplicación prevista: $J = \{i_1, \dots, i_\nu\}$. La característica considerada es únicamente el color de la semilla. Así, $P = \{c_1, c_2\}$, donde c_1 simboliza el amarillo y c_2 el verde. Éstas son las únicas características que poseen los individuos: $APP(i_1) = c_1, APP(i_2) = c_2$. Si representamos el cruce de los individuos parentales que da lugar a la primera generación filial (o F_1) mediante MAT , tenemos: $MAT(i_1, i_2) = \langle i_1, \dots, i_\mu \rangle$; lo mismo ocurre con la segunda generación filial (o F_2): $MAT(i_1, i_2) = \langle i_1, \dots, i_\mu \rangle$. Si representamos la distribución de las características parentales en la descendencia por $DIST$, tenemos: $DIST(c_1, c_2) = 1c_1$ en F_1 , y: $DIST(c_1, c_1) = \langle 0,7505c_1, 0,2495c_2 \rangle$ en F_2 . Ahora podemos representar el modelo de datos para el caso de un cruce monohíbrido —para el color de las semillas— en arvejas mediante $\langle J, P, APP, MAT, DIST \rangle$, que expresa lo que queremos explicar, es decir, la frecuencia relativa $0,7505c_1, 0,2495c_2$ de capas de semillas amarillas y verdes, respectivamente, o (aproximadamente) $\frac{3}{4}$ de los descendientes tienen una capa de semillas amarilla y $\frac{1}{4}$ tienen una capa de semillas verde o una proporción de 3:1, de la siguiente manera: $\langle \{i_1, \dots, i_\nu\}, \{c_1, c_2\}, \{\langle i_1, c_1 \rangle, \langle i_2, c_1 \rangle\}, \{\langle i_1, i_2, i_1, \dots, i_\mu \rangle\}, \{\langle c_1, c_1, 0,7505c_1, 0,2495c_2 \rangle\} \rangle$, en F_2 . Llamemos a esta estructura “modelo de datos **GC** del color de la semilla de las arvejas” o $MD_{TX}(CSG)$, para abreviar.

Recordemos que, para dar cuenta de este modelo de datos, se postula hipotéticamente que

- (i) hay sólo un par de factores o genes implicados (que podemos simbolizar por $\langle f_1, f_2 \rangle$),

- (ii) las combinaciones de factores o genes son igualmente probables, los factores o genes parentales se distribuyen en la descendencia con la misma probabilidad; tal función puede representarse en general de la siguiente manera: $COMB(\langle a_1, b_1 \rangle, \langle c_1, d_1 \rangle) = (\frac{1}{4} a_1 c_1 + \frac{1}{4} a_1 d_1 + \frac{1}{4} b_1 c_1 + \frac{1}{4} b_1 d_1)$, en donde a_1, b_1, c_1, d_1 simbolizan cualquier factor o gen, y, de forma específica, para el cruce realizado (F_2) con un par de factores o genes implicados (simbolizados por $\langle f_1, f_2 \rangle$): $COMB(\langle f_1, f_2 \rangle, \langle f_1, f_2 \rangle) = (\frac{1}{4} f_1 f_1 + \frac{1}{4} f_1 f_2 + \frac{1}{4} f_2 f_1 + \frac{1}{4} f_2 f_2)$, and
- (iii) uno de los factores (f_1), que es “responsable” del color amarillo del albumen de las semillas, es *dominante* sobre el otro (f_2), *recesivo*, que es “responsable” del color verde de las semillas; la función determinante puede representarse de la siguiente manera:
 - a) $DET(f_2, f_2) = c_2$
 - b) $\left. \begin{array}{l} DET(f_1, f_1) \\ DET(f_2, f_1) \\ DET(f_1, f_2) \end{array} \right\} = c_1$

Los tres supuestos están representados en la red teórica de **GC** por la especialización terminal **UC** (Figura 4). Podemos graficar esa situación (en la Fig. 6) de manera análoga a como lo hicimos con la red teórica de la Mecánica Clásica (**MC**) y el caso de la trayectoria de la Luna alrededor de la Tierra (en la Figura 5).

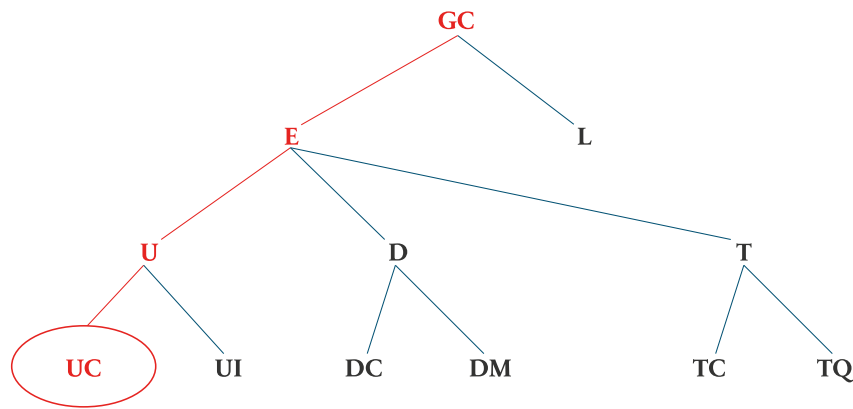


Figura 6.

Si juntamos la información proporcionada por los supuestos teóricos (i)-(iii) con las condiciones antecedentes (condiciones iniciales más otros supuestos empíricos) y las predicciones teóricas para los valores “empíricos”, es decir, **GG**-no teóricos, para la distribución de características (*DIST*) en F_2 , obtenemos el siguiente tipo de estructura: $x = \langle J, P, G, APP, MAT, DIST, DET, COMB \rangle: \{ \langle i_1, \dots, i_n \rangle, \{ c_1, c_2 \}, \{ \langle f_1, f_2 \rangle, \langle f_1, f_2 \rangle \}, \{ \langle i_1, c_1 \rangle, \langle i_2, c_1 \rangle \}, \{ \langle i_1, i_2, i_1, \dots, i_n \rangle \}, \{ \langle c_1, c_1, 0, 75c_1, 0, 25c_2 \rangle \}, \{ \langle f_1, f_1, c_1 \rangle, \langle f_2, f_1, c_1 \rangle, \langle f_1, f_2, c_1 \rangle, \langle f_2, f_2, c_2 \rangle \}, (\frac{1}{4} f_1 f_1 + \frac{1}{4} f_1 f_2 + \frac{1}{4}$

$f_2f_1 + \frac{1}{4}f_2f_2$). Llamémoslo “el modelo teórico **GC** del color de la semilla de las arvejas” o $MT_{\Gamma X}(CSG)$, para abreviar.

Ahora puede verse que el modelo de datos **GC** del color de la semilla de las arvejas ($MD_{\Gamma X}(CSG)$) se explica subsumiéndolo en el modelo teórico **GC** del color de la semilla de las arvejas ($MT_{\Gamma X}(CSG)$):

$\langle \{i_1, \dots, i_v\}, \{c_1, c_2\}, \{\langle i_1, c_1 \rangle, \langle i_2, c_1 \rangle\}, \{\langle i_1, i_2, i_1, \dots, i_\mu \rangle\}, \{\langle c_1, c_1, 0,7505c_1, 0,2494c_2 \rangle\} \rangle$ está (aproximadamente) subsumido en $\langle c_1, c_1, 0,75c_1, 0,25c_2 \rangle, \{\langle f_1, f_1, c_1 \rangle, \langle f_2, f_1, c_1 \rangle, \langle f_1, f_2, c_1 \rangle, \langle f_2, f_2, c_2 \rangle\}, (\frac{1}{4}f_1f_1 + \frac{1}{4}f_1f_2 + \frac{1}{4}f_2f_1 + \frac{1}{4}f_2f_2)$,

En resumen: $MD_{\Gamma X}(CSG)$ se subsume (aproximadamente) en $MT_{\Gamma X}(CSG)$. Como queda patente en la reconstrucción detallada, esta subsunción es al la vez ampliativa y especializada, y por ello es explicativa. Lo mismo se aplicaría en la reconstrucción de los demás casos referidos en la sección 3.

Conclusiones

Hemos aplicado el modelo teórico de explicación como subsunción ampliativa especializada (**SAE**) al caso de la Genética Clásica, que es igualmente aplicable a otras teorías explicativas unificadas, tales como la paradigmática Mecánica Clásica. Otros tratamientos de la explicación no se adaptan bien al caso de **GC** (cf. Lorenzano & Díez, 2022). Afirmamos que **SAE** lo hace mejor que sus competidores, y lo suficientemente bien como para elucidar los aspectos generales de las explicaciones de **GC**, disipando las supuestas rarezas de **GC** y clarificando las explicaciones unificadoras, nomológicas y parcialmente no-causales de la Genética Clásica.

Bibliografía

- Balzer, W., & Moulines, C. U. (1981). Die Grundstruktur der klassischen Partikelmechanik und ihre Spezialisierungen. *Zeitschrift für Naturforschung*, 36, 600-608. <https://doi.org/10.1515/zna-1981-0610>
- Balzer, W., & Lorenzano, P. (2000). The logical structure of classical genetics. *Zeitschrift für allgemeine Wissenschaftstheorie*, 31(2), 243-266.
- Balzer, W., Moulines, C. U., & Sneed, J. D. (1987). *An architectonic for science. The structuralist program*. Reidel.
- Bartelborth, T. (1996a). *Begründungsstrategien. Ein Weg durch die analytische Erkenntnistheorie*. Akademie Verlag. <https://doi.org/10.1515/9783050073514>
- Bartelborth, T. (1996b). Scientific Explanation. In W. Balzer & Moulines (Eds.), *Structuralist theory of science. Focal issues, new results* (pp. 23-43). Walter de Gruyter.
- Beatty, J. (1995). The Evolutionary Contingency Thesis. In G. Wolters & J. Lennox (Eds.), *Concepts, Theories, and Rationality in the Biological Sciences: The Second Pittsburgh-Konstanz Colloquium in the Philosophy of Science* (pp. 45-81). University of Pittsburgh Press. <https://doi.org/10.2307/jj.2059225.8>

- Blanco, D., Ginnobili, S., & Lorenzano, P. (2019). La capacidad unificadora de las teorías científicas. Una propuesta alternativa desde el estructuralismo metateórico al enfoque kitchereano de patrones explicativos. *Theoria*, 34(1), 111-131.
- Braillard, P. A., & Malaterre, C. (Eds.). (2015). *Explanation in Biology: An enquiry into the Diversity of Explanatory Patterns in the Life Sciences*. Springer. <https://doi.org/10.1007/978-94-017-9822-8>
- Brandon, R. (1997). Does Biology Have Laws? The Experimental Evidence. *Philosophy of Science*, 64(S4), S444-S457. <https://doi.org/10.1086/392621>
- Brooker, R. J. (2018). *Genetics: Analysis & Principles* (6th ed.). McGraw-Hill Education.
- Carrier, M. (1995). Evolutionary change and lawlikeness. Beatty on biological generalizations. In G. Wolters & J. Lennox (Eds.), *Concepts, Theories, and Rationality in the Biological Sciences: The Second Pittsburgh-Konstanz Colloquium in the Philosophy of Science* (p). University of Pittsburgh Press. <https://doi.org/10.2307/jj.2059225.9>
- Correns, C. (1905). Über Vererbungsgesetze. Gebrüder Borntraeger.
- Craver, C. F., & Kaiser, M. I. (2013). Mechanisms and Laws: Clarifying the Debate. In H. K. Chao, S. T. Chen & R. Millstein (Eds.), *Mechanism and Causality in Biology and Economics* (pp. 125-145). Springer. https://doi.org/10.1007/978-94-007-2454-9_7
- Darden, L. (1996). Essay review. Generalizations in Biology. *Studies in History and Philosophy of Science*, 27(3), 409-419. [https://doi.org/10.1016/0039-3681\(95\)00050-X](https://doi.org/10.1016/0039-3681(95)00050-X)
- Díez, J. A. (2002). Explicación, unificación y subsunción teórica. En W. González (Ed.), *Pluralidad de la explicación científica* (pp. 73-93). Ariel.
- Díez, J. A. (2014). Scientific w-Explanation as Ampliative, Specialized Embedding: A Neo-Hempel Account. *Erkenntnis*, 79(8), 1413-1443. <https://doi.org/10.1007/s10670-013-9575-8>
- Díez, J. A., & Lorenzano, P. (2020). Leyes y explicaciones en genética. En M. O’Lery, L. Federico & Y. Ariza (Eds.), *Filosofía e historia de la ciencia del Cono Sur. Selección de trabajos del XI Encuentro* (pp. 477-490). AFHIC.
- Dorato, M. (2005). *The software of the universe*. Ashgate.
- Dorato, M. (2012). Mathematical Biology and the Existence of Biological Laws. In D. Dieks, W. J. Gonzalez, S. Hartmann, M. Stöltzner & M. Weber (Eds.), *Probabilities, Laws and Structure. The Philosophy of Science in a European Perspective* (Vol. 3, pp. 109-121). Springer. https://doi.org/10.1007/978-94-007-3030-4_8
- Forge, J. (2002). Reflections on Structuralism and Scientific Explanation. *Synthese*, 130, 109-121. <https://doi.org/10.1023/A:1013879326732>
- Hartl, D. L., & Cochrane, B. (2019). *Genetics: Analysis of Genes and Genomes* (9th ed.). Jones & Bartlett Learning.
- Hartwell, L., Goldberg, M. L., Fischer, J., & Hood, L. (2017). *Genetics: From Genes to Genomes*. McGraw-Hill.
- Hempel, C. G., & Oppenheim, P. (1948). Studies in the Logic of Explanation. *Philosophy of Science*, 15(2), 135-175. <https://doi.org/10.1086/286983>
- Kitcher, P. (1984). 1953 and all That: A Tale of Two Sciences. *The Philosophical Review*, 93(3), 335-373. <https://doi.org/10.2307/2184541>
- Kitcher, P. (1989). Explanatory Unification and the Causal Structure of the World. In P. Kitcher & W. Salmon (Eds.), *Scientific explanation* (pp. 410-505). University of Minnesota Press.

- Kitcher, P. (1993). *The advancement of science: Science without legend, objectivity without illusions*. Oxford University Press.
- Klug, W. S., Cummings, M. R., Spencer, C. A., Palladino, M. A., & Killian, D. (2019). *Concepts of genetics* (12th ed.). Pearson.
- Kuhn, T. S. (1974). Second thoughts on paradigms. In F. Suppe (Ed.), *The structure of scientific theories* (pp. 459-482). University of Illinois Press.
- Lange, M. (1995). Are There Natural Laws Concerning Particular Species? *Journal of Philosophy*, 92(8), 430-451. <https://doi.org/10.2307/2940819>
- Lange, M. (2000). *Natural Laws in Scientific Practice*. Oxford University Press.
- Leuridan, B. (2010). Can Mechanisms Really Replace Laws of Nature? *Philosophy of Science*, 77(3), 317-340. <https://doi.org/10.1086/652959>
- Lorenzano, P. (1995). *Geschichte und Struktur der klassischen Genetik*. Peter Lang.
- Lorenzano, P. (2000). Classical Genetics and the Theory-Net of Genetics. In W. Balzer, Moulines & Sneed (Eds.), *Structuralist knowledge representation: Paradigmatic examples* (pp. 251-284). Rodopi.
- Lorenzano, P. (2005). Comentarios a “Explicación teórica y compromisos ontológicos: un modelo estructuralista” de C. Ulises Moulines. *Enrahonar*, 37, 55-59. <https://doi.org/10.5565/rev/enrahonar.351>
- Lorenzano, P. (2006). Fundamental laws and laws of biology. In G. Ernst & Niebergall (Eds.), *Philosophie der Wissenschaft – Wissenschaft der Philosophie. Festschrift für C. Ulises Moulines zum 60. Geburtstag* (pp. 129-155). Mentis-Verlag.
- Lorenzano, P. (2007). The Influence of Genetics on Philosophy of Science: Classical genetics and the structuralist view of theories. In A. Fagot-Largeault, Torres & S. Rahman (Eds.), *The influence of genetics on contemporary thinking* (pp. 97-113). Springer. https://doi.org/10.1007/978-1-4020-5664-2_7
- Lorenzano, P. (2014-2015). Principios-guía y leyes fundamentales en la metateoría estructuralista. *Cuadernos del Sur*, (43-44), 35-74.
- Lorenzano, P. (2020). Leyes fundamentales y principios-guía en la metateoría estructuralista. En J. A. Díez. (Ed.), *Exploraciones pluralistas* (pp. 114-125). Tecnos/UNAM/UAM.
- Lorenzano, P., & Díez, J. A. (2022). Scientific explanation as ampliative, specialized embedding: the case of classical genetics. *Synthese*, 200(510). <https://doi.org/10.1007/s11229-022-03983-6>
- Mendel, G. (1865). Versuche über Pflanzen-Hybriden. *Verhandlungen des naturforschenden Vereines in Brünn*, 4, 3-57. <https://doi.org/10.5962/bhl.title.61004>
- Mitchell, S. D. (1997). Pragmatic laws. *Philosophy of Science*, 64(S4), S468-S479. <https://doi.org/10.1086/392623>
- Morgan, T. H., Sturtevant, A. H., Muller, H. J., & Bridges, C. B. (1915). *The mechanism of mendelian heredity*. Henry Holt and Company.
- Moulines, C. U. (1978). Cuantificadores existenciales y principios-guía en las teorías físicas. *Crítica*, 10(29), 59-88. <https://doi.org/10.22201/iifs.18704905e.1978.275>
- Moulines, C. U. (1991). *Pluralidad y recursión*. Alianza.
- Moulines, C. U. (2005). Explicación teórica y compromisos ontológicos: Un modelo estructuralista. *Enrahonar*, 37, 41-53. <https://doi.org/10.5565/rev/enrahonar.350>
- Rosenberg, A. (1994). *Instrumental biology or the disunity of science*. University of Chicago Press.

- Rosenberg, A. (2001). How is biological explanation possible? *British Journal for the Philosophy of Science*, 52(4), 735-760. <https://doi.org/10.1093/bjps/52.4.735>
- Ruse, M. (1970). Are there laws in biology? *Australasian Journal of Philosophy*, 48(2), 234-246.
- Salmon, W. (1989). Four decades of scientific explanation. In P. Kitcher & W. Salmon (Eds.), *Scientific explanation* (pp. 3-219). University of Minnesota Press.
- Schaffner, K. (1993). *Discovery and explanation in biology and medicine*. University of Chicago Press.
- Sinnott, E. W., & Dunn, L. C. (1925). *Principles of genetics: An elementary text, with problems*. McGraw-Hill.
- Smart, J. J. C. (1963). *Philosophy and scientific realism*. Routledge and Kegan Paul.
- Waters, C. K. (2004). What was classical genetics? *Studies in History and Philosophy of Science*, 35(4), 783-809. <https://doi.org/10.1016/j.shpsa.2004.03.018>
- Weber, M. (1998). Representing genes: classical mapping techniques and the growth of genetical knowledge. *Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences*, 29(2), 295-315. [https://doi.org/10.1016/S1369-8486\(98\)00017-X](https://doi.org/10.1016/S1369-8486(98)00017-X)