

NETWORKS. A VERY SHORT INTRODUCTION

Por Guido Caldarelli y Michele Catanzaro. Oxford University Press; Oxford, 2012.

Enredados

El mundo dibujado con redes

Vivimos rodeados e inmersos en redes. Infraestructuras críticas, como las que distribuyen la energía o posibilitan el transporte de mercancías y personas, son redes. Las tecnologías de la información y comunicación como la telefonía, los correos electrónicos, Twitter, Facebook o la propia Internet, se sustentan en redes. Nuestras relaciones sociales, laborales o incluso sexuales pueden describirse como grafos en constante evolución. La biosfera es un conjunto enmarañado de interacciones tróficas, de competencia o mutualismo. Incluso nuestro propio cuerpo es un conjunto de redes acopladas, que van desde el genoma, una red de regulación genética, pasando por la red de interacciones de proteínas, hasta el metabolismo. De hecho, vemos y comprendemos el mundo gracias a las redes, gracias a nuestro sistema nervioso y nuestro cerebro, una maraña donde se conectan 10^{11} neuronas.

Todas estas redes, sus propiedades particulares y comunes, su crecimiento y evolución, y el impacto en las dinámicas que sustentan, han sido motivo de intensa investigación desde que hace quince años, un artículo en *Nature*, «Collective dynamics of “small-world” networks», de Duncan Watts y Steven Strogatz, diera el pistoletazo de salida. Los autores de este libro, Guido Caldarelli y Michele Catanzaro, han sido protagonistas de esta exploración y nos ofrecen en su obra no solo un estado del arte de una nueva disciplina llamada «redes complejas», sino un panorama transdisci-

plinario mucho más amplio. Por eso el libro comienza cruzando de la mano de Euler los puentes de Königsberg que inauguran la teoría de grafos en el siglo XVIII, continúa con los trabajos pioneros en sociología del psiquiatra Jacob Moreno, al representar la estructura social en forma de red, y sigue con los resultados de los matemáticos Paul Erdős y Alfréd Rényi sobre leyes cero-uno en grafos aleatorios.

El enfoque en redes es más topológico que métrico, interesan más las relaciones que las cantidades, como ocurre con un mapa de metro frente a un mapa geográfico. Los autores ilustran esta perspectiva y conceptos propios de las redes mediante ejemplos como el análisis de la evolución de alianzas en la Primera Guerra Mundial, el lenguaje escrito visto como red o el comercio mundial, donde los países son nodos y las importaciones y exportaciones corresponden a enlaces.

Veamos un ejemplo con más detalle: hace unos años se puso de moda en EE.UU. un entretenimiento llamado el juego de Bacon. El solaz tenía como protagonista central al actor Kevin Bacon. Un participante pensaba el nombre de un actor o actriz cinematográfico. Si dicho sujeto había compartido reparto con Bacon en alguna película, su número de Bacon era 1. Si nunca había participado con Bacon en el mismo filme, pero lo había hecho con alguien que sí, se le asignaba número de Bacon 2 y así sucesivamente. El juego consistía en establecer la cadena más corta, el número de Bacon más bajo posible para el personaje cinematográfico propuesto. Gracias a la base de datos de actores más grande del mundo, Internet Movie Database, compuesta por más de medio millón de nombres y unas 275.000 películas, y al programa Oráculo de Virginia, podemos determinar instantáneamente el número de Bacon de cualquier actor o actriz. Para «Fernando Fernán Gómez», la respuesta del Oráculo es: «Fernando Fernán Gómez actuó en *Soldados de Plomo* (1983) con Assumpta Serna, que actuó en *Chain of Desire* (1992) con Elias Koteas, que a su vez actuó en *Novocaine* (2001) con Kevin Bacon». El número de Bacon de Fernando Fernán Gómez es, por tanto, tres.

Para calcular el número medio de pasos que separan a un actor escogido al azar de Kevin Bacon, basta con computar el número de personas que se encuentra a un paso (1469 actores), a dos pasos (105.800 actores), etcétera, y calcular el promedio: tan solo 2,9. Podemos hacer eso mismo para todos los actores y calcu-

lar la media. El resultado: en un grupo de medio millón de personas, unidos profesionalmente pero repartidos por todo el planeta, la «distancia media» entre cualesquiera es de tan solo 3,65 pasos. Es decir, en esta red, para pasar de un nudo a otro a través de hilos, solo tenemos que dar un promedio de unos cuatro saltos. Esta propiedad, común a muchas redes, se conoce como «pequeño mundo» (*small world*).

Con el ejemplo anterior quedan meridianamente claros los conceptos de distancia media y de pequeño mundo en una red. Caldarelli y Catanzaro utilizan este recurso didáctico enseñándonos conceptos como concentrador (*hub*), distribución de conectividad, coeficiente de agrupamiento (*clustering*), asortatividad y disasortatividad, intermediación (*betweenness centrality*), comunidades o motivos, a partir de ejemplos de redes como el número de Erdős, experimentos como el famoso «seis grados de separación» de Stanley Milgram o estrategias de mercado como el marketing viral de Hotmail.

Uno de los logros indiscutibles de esta nueva ciencia de las redes ha sido constatar, gracias a las grandes bases de datos ahora accesibles, que una inmensa cantidad de redes que describen sistemas de lo más variopinto poseen arquitecturas semejantes. En particular, presentan distribuciones de conectividad que se ajustan a leyes de potencia, son libres de escala. ¿Cómo resulta este patrón de conexión a partir de procesos complejos no supervisados y tan dispares?

El primer mecanismo de crecimiento de abajo-arriba, propuesto por Albert-László Barabási y Réka Albert, fue el enlace preferencial, una variante de los modelos clásicos de Herbert A. Simon y George Udny Yule. Se trata de un mecanismo local del tipo «mientras más rico seas, más rico serás». Posteriormente, se propusieron más modelos que explicaran de manera sencilla formas distintas en que mecanismos locales, sin planificación global, pudieran generar estructuras ordenadas y eficientes a gran escala: duplicación y diversificación inspirados en redes genéticas, capacidad o aptitud de los nodos (variables ocultas) como puede ser el salario de los individuos que conforman una red social o el producto interior bruto de los países en la red de comercio mundial, el efecto que produce que la red esté inmersa en un espacio con distancias euclídeas, como ocurre con los suministros de gas o electricidad. O que

transcurran en el tiempo, como ocurre con las citas en publicaciones científicas.

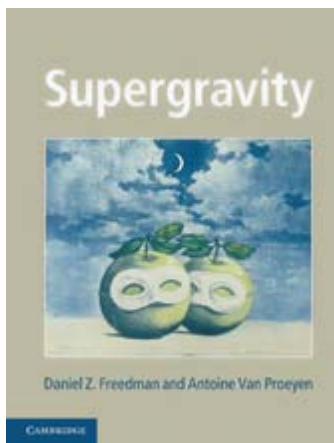
Los últimos capítulos están dedicados a la importancia de la estructura de las redes frente a ataques al azar o dirigidos (qué efectos tiene la caída de servidores en Internet o estaciones eléctricas en la red de energía, por ejemplo), el efecto dominó (cómo se produce una cascada de extinciones en una red ecológica) y la dialéctica entre dinámica y estructura. Un resultado teórico antiintuitivo y sorprendente, respecto a este último punto, fue el obtenido por Romualdo Pastor-Satorras y Alessandro Vespignani sobre el contagio de virus informáticos a través de Internet.

Estos físicos demostraron que al reescribir las ecuaciones epidemiológicas estándar suponiendo una distribución de contactos libres de escala puede desaparecer el clásico umbral epidémico y la infección puede persistir permanentemente.

Networks es el número 335 de la colección «Very Short Introductions» de Oxford University Press, que recuerda mucho en su formato e intención a la mítica «Que sais-je?» de Presses Universitaires de France. El libro, que pronto será traducido al castellano, acaba con la honestidad que se le supone a dos buenos investigadores y divulgadores: con una exposición sobre las limitaciones

de la ciencia de las redes y las críticas recibidas por la asociación, a veces poco sustentada, entre redes libres de escala y autoorganización. A pesar de su escaso centenar de páginas y una docena de ilustraciones, este libro conseguirá colmar sin tecnicismos la curiosidad del público medio y, al mismo tiempo, introducir al futuro investigador en el fascinante mundo de las redes. Y si quieren más, pueden tirar de los hilos (enlaces) de la pequeña pero bien escogida bibliografía con que se cierra esta breve, y por tanto dos veces buena, obra.

—Bartolo Luque
Universidad Politécnica de Madrid



SUPERGRAVITY

Por Daniel Z. Freedman y Antoine Van Proeyen. Cambridge University Press; Cambridge, 2012.

¡Es la simetría, estúpido!

Física teórica fundamental

Algunos descubrimientos científicos fundamentales no tienen autor. Se trata de ideas que siempre han estado ahí y que la comunidad científica adopta y aprende a aplicar hasta convertirlas en piedras angulares de nuestro entendimiento de la realidad. El descubrimiento de la importancia de la simetría en la física fundamental es uno de los que ha calado más hondo, y es el tema principal de este libro.

Al morder la manzana del árbol de la simetría se nos abrieron los ojos a una nueva forma de ver el mundo; todas las leyes conocidas fueron reescritas de forma más elegante y, sobre todo, más esencial:

encontrar una simetría es identificar una redundancia en la naturaleza (la imagen en el espejo frente al original) que podemos ignorar. Los principios de simetría nos llevaron a descubrir nuevas leyes como los huecos de la tabla periódica nos llevaron a descubrir nuevos elementos (el espejo nos dice dónde debe estar la imagen).

En la física fundamental, la simetría actúa como principio organizador y unificador: dos interacciones, partículas o conceptos están unificados cuando son diferentes manifestaciones de una única entidad, y suelen hallarse relacionados por una simetría fundamental de la naturaleza, como la masa y la energía, relacionadas por la simetría de la relatividad especial. Buscar unidad es buscar más simetría, y la supersimetría y la supergravedad son el epítome de esta.

Cada paso dado en el uso de la simetría ha marcado un hito en la historia de la evolución conceptual de la física teórica. Pensemos en la construcción de las relatividades especial y general basadas en principios de simetría espaciotemporales. Combinando la primera con la mecánica cuántica se obtienen las teorías que gobiernan las partículas elementales y sus interacciones: las teorías cuánticas de campos (relativistas), el marco del modelo estándar. La relatividad general describe la gravitación y el universo a gran escala y se combina mal con la mecánica cuántica: no existe una teoría cuántica de campos de la gravitación (el Santo Grial de la física teórica), pero la supergravedad tiene algo que decir al respecto.

Asimismo, cabe destacar la construcción de teorías basadas en principios de simetría de aforo (gauge), que actúan independientemente en cada punto del es-

paciotiempo. El modelo estándar corresponde a una teoría cuántica de campos relativistas con simetría gauge.

Y también el descubrimiento de que hay simetrías que no se manifiestan porque están espontáneamente rotas. La simetría que relaciona el electromagnetismo con la interacción nuclear débil está espontáneamente rota a través del famoso mecanismo de Brout, Englert y Higgs.

La mayoría de las teorías propuestas para superar el modelo estándar se basan en simetrías gauge mayores (como la supersimetría) rotas por generalizaciones del mecanismo de BEH. La supersimetría tiene carácter espaciotemporal y la máxima extensión posible de la relatividad especial, a la que trasciende unificando los dos tipos de partículas diferentes que esta predice: los bosones y los fermiones. La supersimetría gauge lleva a una generalización supersimétrica de la relatividad general llamada supergravedad y obtenida por Freedman (uno de los autores del libro), Van Nieuwenhuizen y Ferrara, y Deser y Zumino en 1976 que se puede entender como la relatividad general con ciertos campos adicionales; una combinación muy interesante que ha sido tema de intenso estudio durante los últimos treinta años.

Además del altísimo grado de unificación que proponen —lo que excita los más elevados instintos de los físicos teóricos—, las teorías supersimétricas se combinan mejor con la mecánica cuántica; cuando se construyó la primera teoría de supergravedad se pensó que podría ser la versión cuantizable de la relatividad general que nos daría la teoría cuántica de la gravitación —pronto se vio que no—. Además, se pueden incluir las demás

interacciones: en 1983 Cremmer, Ferrara, Girardello, Van Proeyen (el segundo autor de nuestro libro) construyeron la supergravedad más general de este tipo (conocidas como $N = 1$).

A bajas energías las supercuerdas se comportan de manera efectiva como una supergravedad $N = 1$, lo que ha mantenido el interés por estas teorías. Si no son teorías consistentes de la gravedad cuántica es porque corresponden solo a versiones simplificadas de una teoría completa (supercuerdas) que sí lo es.

Se han construido supergravedades con más supersimetría (como la $N = 8$) y más simetría espaciotemporal (como la de 11 dimensiones) que desempeñan una función muy importante en las teorías efectivas de supercuerdas. Es en ellas donde se han identificado las famosas dualidades y la correspondencia AdS/CFT de Maldacena, que proporciona la primera realización concreta de las ideas de 't Hooft, Susskind y otros sobre la hipótesis holográfica de la gravedad cuántica. El grupo de Bern,

Kosower y Dixon (premio JJ Sakurai de la APS 2014) ha demostrado que la teoría $N = 8$ se puede cuantizar consistentemente al menos hasta 4 bucles, lo que contradice —a ese nivel al menos— la afirmación genérica de que la relatividad general es irreconciliable con la mecánica cuántica.

El libro que nos atañe llega, pues, en un momento muy propicio, y lo hace de la mano de dos grandes expertos, Daniel Z. Freedman (del Instituto de Tecnología de Massachusetts) y Antoine Van Proeyen (de la universidad belga KU Leuven), autores de algunos de los artículos fundacionales del campo y conocidos por su cuidado de los detalles y la fiabilidad de sus resultados. Es un libro dirigido a estudiantes de doctorado avanzados y a investigadores, que pretende ser pedagógico y también exhaustivo.

Los autores se acercan mucho a su objetivo, algo nada fácil en un campo de esta complejidad formal. Se cubren todos los temas fundamentales (superálgebras,

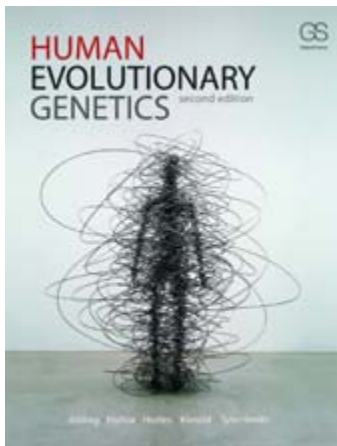
representaciones, geometría) tras una introducción que bien podría utilizarse en un curso de teoría de campos y también, de forma extensa, las teorías $N = 1$ y $N = 2$ (siempre en 4 dimensiones) sin y con gravedad (supergravedades) utilizando una notación homogénea —un acierto que ha requerido un trabajo durísimo de los autores—. Estas teorías tienen muchas aplicaciones y no hay otro texto del que aprenderlas (salvo el clásico de Wess y Bagger para el caso $N = 1$).

Contiene un capítulo sobre la supergravedad en 11 dimensiones, cuya importancia hemos resaltado antes, otro sobre soluciones como los agujeros negros (y el mecanismo de atractores de estos) y otro sobre la correspondencia AdS/CFT (la primera discusión pedagógica que aparece en un libro de texto).

Un libro por ahora sin competidores y que está llamado a ser la obra de referencia en este campo durante mucho tiempo.

—Tomás Ortín

Instituto de Física Teórica, Madrid



HUMAN EVOLUTIONARY GENETICS

Por Mark Jobling, Edward Hollox, Matthew Hurles, Toomas Kivisild y Chris Tyler-Smith. Garland Science; Londres, 2013.

Genética humana

La evolución escrita en los genes

Las poblaciones humanas son entidades fluidas, que no dejan de recibir genes de grupos vecinos y transmitir, a su vez, genes propios. Los alelos entran en la población en diferentes momentos y desde distintos lugares. De los cinco autores de esta obra, cuatro son británicos; cada uno porta en su genoma más de 20.000

genes. Nuevas oleadas de genes arribaron con romanos, anglos, sajones, vikingos, normandos y otros viajeros. Resultaría vano esperar encontrar ahora un lugar biológico exclusivo de los británicos.

No menos errada va la hipótesis de un linaje único para un individuo. Como resultado de la reproducción sexual, a medida que vamos retrocediendo en el tiempo los individuos tienen un número siempre creciente de antepasados (2, 4, 8, 16, 32, 64, 128, etcétera). ¿De dónde son mis antepasados? De todas partes.

El registro de la vida se halla escrito en el genoma de las especies, que nos revela los procesos evolutivos y las relaciones que nos retrotraen al último antepasado común de todas las especies (LUCA, de *last universal common ancestor*). Para acotar este organismo ancestral tenemos que comparar las ramas más distantes en el árbol de la vida. El cotejo entre individuos estrechamente emparentados, así los de la misma especie, nos revela procesos evolutivos recientes. Las pruebas genéticas proceden de dos fuentes: los genomas de los individuos vivos y el ADN antiguo de restos orgánicos bien conservados.

Los rasgos fenotípicos de los humanos están controlados por una combinación de factores hereditarios y ambientales, así como por procesos estocásticos de desarrollo y moleculares. Los rasgos de análisis

genético más fácil son los que se hallan determinados en buena medida por genes individuales (rasgos mendelianos). Sin embargo, en su mayoría los rasgos de mayor interés en antropología y medicina no son tan sencillos. Tales rasgos complejos están gobernados por interacciones entre múltiples genes y el entorno.

El registro histórico comprende textos escritos. De Mesopotamia proceden los más antiguos, fechados hace cuatro mil años (*La épica de Gilgamesh*). Aparecen en escritura cuneiforme. Otros escritos antiguos son todavía indescifrables, como la lineal A cretense. El registro arqueológico de objetos creados por el hombre no se circunscribe a útiles, adornos o cerámicas. Comprende también suelos, vertederos, casas y paisajes. Los primeros útiles líticos datan de hace unos dos millones y medio de años. Por su parte, las lenguas habladas conservan trazas de sus orígenes a lo largo de miles de años. Hay en el planeta unas 6900 lenguas. Muchas pueden retrotraerse a un número reducido ancestral, denominado protolenguaje. Así, el inglés, francés, alemán, ruso y sánscrito pertenecen a la familia del indoeuropeo y comparten un lenguaje común inicial, el protoindoeuropeo. No se ha podido identificar una primera lengua común de todos los humanos. Para los lingüistas resulta problemático que un lenguaje pueda conservar claves

de su origen más allá de 10.000 años. Por fin, el registro paleontológico comprende restos fósiles de organismos o de sus huellas (ictitas). Se supone que los primeros fósiles datan de hace 3500 millones de años, una edad que indica que la vida apareció en la Tierra tan pronto se dieron las condiciones favorables.

Hay cuestiones sobre nuestro origen que no podemos abordar todavía y otras que quizá no podrán abordarse nunca. No podemos preguntar si el cruzamiento de dos especies contemporáneas de australopitecinos daba una progenie fértil o qué combinación de mutaciones bastaría para conceder a los chimpancés habilidades lingüísticas. Con todo, debemos contar con innovaciones técnicas inesperadas. Antes del advenimiento de los métodos de secuenciación de ADN fósil, la divergencia entre neandertales y humanos modernos resultaba incognoscible. Ahora contamos con una medida de esa divergencia, no solo de un gen, sino del genoma entero.

En febrero del año 2001 se anunció la secuenciación provisional del genoma humano, un recurso excepcional para identificar genes, comparar su evolución y la del genoma en su totalidad, así como para descubrir la variabilidad de la secuencia que pueda analizarse en estudios evolutivos y patológicos. Facilita también el análisis comparado con los genomas de otras especies y nos descubre la estructura y función de los cromosomas. Conviene advertir que la secuencia genómica no es completa y que, por tanto, puede inducir a confusión la idea de que exista un genoma único y arquetípico. Ello no obstante, la versión actual cubre el 99 por ciento de la parte que contiene los genes.

Los humanos, como la mayoría de los animales, somos diploides, es decir, poseemos dos copias del genoma en cada una de nuestras células somáticas. El genoma haploide del hombre (una copia) consta de unos 3200 millones de nucleótidos, los bloques fundamentales del ADN en cuyo interior se halla codificada la información. Pese a su importancia, los genes codificadores comprenden solo el 2 por ciento del genoma. Parte del restante 98 por ciento es esencial para producir moléculas de ARN que no se emplean nunca en la síntesis de proteínas, si bien son importantes para la regulación génica y para la función de los cromosomas [véase «La función reguladora del genoma», por R. R. Daga, S. Salas Pino y P. Gallardo Palomo, en *este mismo número*]. El número de genes en el genoma humano es una cuestión de-

batida. Las primeras hipótesis daban por cierto que los vertebrados presentarían un número de genes sustancialmente mayor que otros organismos, reflejo de su mayor complejidad biológica. Sin embargo, el primer borrador de la secuenciación revelaba que había solo 32.000 genes codificadores de proteína.

La naturaleza lineal del ADN significa que grandes genomas se corresponden con moléculas extremadamente largas. De tal magnitud es el tamaño del genoma haploide humano que, si fuere un dúplex de ADN y se extendiera mediría un metro de largo. Puesto que cada una de nuestras células somáticas contiene dos copias de ese genoma en su núcleo, de una decena escasa de micrómetros de diámetro, debe estar apretadamente empaquetado y, al propio tiempo, ser capaz de replicarse con fiabilidad y segregarse en la división celular; además, los genes han de mostrarse fácilmente accesibles para su expresión.

El material genético nuclear de las células somáticas del hombre se divide en 46 cromosomas, divididos a su vez en 23 pares, cada uno heredado de un progenitor. De esa cifra, 22 son autosomas, idénticos en ambos sexos. El par restante corresponde a los cromosomas sexuales. Las mujeres tienen dos copias del cromosoma X; los varones presentan un cromosoma X y un cromosoma Y. La división celular somática (mitosis) asegura, tras la replicación del ADN, la segregación ordenada de los cromosomas en células hijas genéticamente idénticas. La meiosis es una división especial de las células de la línea germinal que reduce a la mitad el número de cromosomas para dar gametos haploides y genéticamente únicos; comprende la recombinación, o intercambio de segmentos entre pares de cromosomas homólogos. La fecundación recrea el estado diploide y origina una combinación única de secuencias de ADN en un nuevo individuo. Las mitocondrias contienen su propio genoma circular, de unas 16,5 kilobases, que se heredan por vía materna y escapan a la recombinación.

Las diferencias genéticas emergen por mutaciones en la línea germinal. Las sustituciones de bases y otras variantes son neutras para la selección, aunque la sustitución de una base por otra puede repercutir en una determinada función a través de la consiguiente sustitución de un aminoácido por otro, la introducción de codones de parada o cambios en la regulación. La mutación y la recombinación incrementan la diversidad humana

mediante la generación de nuevos alelos y nuevos haplotipos, respectivamente. La deriva genética reduce la diversidad.

Las pruebas morfológicas procedentes de fósiles y de especies actuales sitúan a los humanos en el orden de los Primates, taxón surgido hace entre 80 y 50 millones de años, que incluye también a chimpancés, bonobos, gorilas y orangutanes. Los cariotipos de los humanos y grandes simios, aunque similares, difieren en aspectos importantes. El más notable es la reducción de 48 cromosomas a 46 como consecuencia de una fusión cromosómica en el linaje de los homínidos. Las clasificaciones morfológicas tradicionales distinguían entre primates inferiores o prosimios (lémures, etcétera) y primates superiores o antropoides. Hace unos 7 millones de años, humanos y chimpancés compartieron su último antepasado común. La rama que condujo al hombre, iniciada por *Sahelanthropus tchadensis*, se caracterizó por un progreso hacia el bipedismo y un incremento subsiguiente del tamaño cerebral. Desde el punto de vista genético, los humanos difieren de los chimpancés en unos 35 millones de sustituciones nucleotídicas y en otros cinco millones de diferencias estructurales.

En esa trayectoria fueron emergiendo, hace entre 6 y 4 millones de años, *Orrorin*, *Ardipithecus*; entre 4 y 1 millón de años, con un porte grácil y robusto *Australopithecus*; hace 1,9 millones de años, el género *Homo* (*H. erectus*). Sale este de África y pone pie en Asia oriental hace 1,8 millones de años. Hace 1,0 millones de años entra en escena *Homo heidelbergensis*; hace 250.000 años, *Homo neanderthalensis*. De hace entre 220.000 y 120.000 años data el antepasado común más reciente de ADN mitocondrial actual. Hace 200.000 años debieron de iniciar su andadura los primeros humanos anatómicamente modernos. Hace 100.000 años vivían ya en el Levante los humanos anatómicamente modernos. Hace 42.000 años habitaban en Europa. Hace 28.000 años se extinguió el hombre del Neandertal. Hace 13.000 persistía en Indonesia *Homo floresiensis*. Hace 10.000 años comenzó la transición del Neolítico que dio origen a la agricultura y a la expansión demográfica; 6000 años después, primeras líneas mesopotámicas. La tesis actual más aceptada declara que el modelo fuera de África con mezclas arcaicas explica de forma convincente los datos fósiles, morfológicos, lingüísticos y genéticos.

—Luis Alonso