

MARCELLO STELLA

**IL MONDO DI MEZZO
E
IL CONCETTO DI VITA**

Il filosofo austriaco naturalizzato israeliano Martin Buber, parafrasando il prologo del *Vangelo di Giovanni* (1, 1-2), affermò che “in principio era la relazione”.

In effetti questo assunto non sembra irragionevole se solo si pensa che la capacità di formare legami – *link* appunto – ha pervaso tutta la storia del Cosmo fin dal suo inizio (13,7 miliardi di anni fa).

Nell’arco di un secondo dal *big bang*, l’energia infinita degli inizi – ciò che i fisici definiscono “singolarità” – si tramutò in un brodo bollente di quark ed elettroni (le componenti più elementari della materia), che successivamente si combinarono per formare protoni, dai quali, a loro volta, generarono i neutroni, per interazione con gli elettroni.

Protoni, neutroni ed elettroni hanno, infine, potuto legarsi formando i primi atomi di idrogeno ed elio, attraverso un processo denominato nucleosintesi.

Nello sconfinato “oceano di materia in espansione” vi erano alcune discontinuità (increspature) del Cosmo, che resero possibile la formazione di galassie (8 miliardi di anni fa), per azione della forza di gravità, in ciascuna delle quali si trovano centinaia di miliardi di stelle simili al sole.

Il nucleo di queste stelle generò, con un secondo processo di nucleosintesi, gli atomi (carbonio, ossigeno, azoto, fosforo ecc.) di cui sono costituite tutte le forme di vita conosciute.

Tali elementi furono quindi, dispersi nel Cosmo quando le stelle, alla fine del loro ciclo, esplosero trasformandosi in *Supernovæ*: siamo a tutti gli effetti “polvere di stelle”.

Ebbene, queste componenti “privilegiate” della materia, per quanto ne sappiamo, innescarono una serie di processi di aggregazione su uno sperduto pianeta (la Terra) del sistema solare di una delle centinaia di miliardi di galassie (la Via Lattea), che ha portato alla formazione di acqua e di tutte le altre molecole della vita (amminoacidi, zuccheri, basi azotate, lipidi ecc. nel brodo primordiale).

Attraverso un processo di auto-organizzazione e poi di evoluzione, cadenzato da un delicato gioco tra competizione e cooperazione, queste molecole originarono le prime protocellule che, nell’arco di 3,5 miliardi di anni, resero possibile, seppur con un andamento discontinuo, il dispiegarsi di quella straordinaria radiazione adattativa di forme di vita la cui bellezza e raffinata complessità sono fonte di grande stupore.

Non è stato, come spesso si crede, un percorso “lineare” verso la complessità. Da un’origine comune, si generarono fin dall’inizio numerose ramificazioni, in cui il semplice coesisteva con il complesso. In altri termini, non vi sono gerarchie in natura, né descrittive né interpretative.

Gli organismi unicellulari che si formarono all’inizio, ben presto manifestarono una tendenza ad aggregarsi per vivere in colonie, seppur con scarsa o nulla specializzazione. Sulla Terra pullularono così le prime cellule prive di nucleo e altri organelli (i procarioti). I batteri si nutrivano anche per “fagocitosi”, processo attraverso cui una cellula vive a spese di un’altra, che viene inglobata e poi digerita.

Accadde però, nel corso dell’evoluzione, che tale meccanismo si sia ‘inceppato’ in alcuni casi. La cellula “fagocitata” (cibo), invece di essere digerita, ha iniziato una “convivenza” (endosimbiosi), specializzandosi per assolvere varie funzioni quali la respirazione (mitocondri) e la fotosintesi (cloroplasti), o per svolgere qualche altro ruolo.

Questo fenomeno fu intuito da diversi studiosi, tra i quali Konstantin Mereschkowsky. Tuttavia, la prima rigorosa descrizione per spiegare l'origine delle cellule eucariote (provviste di nucleo e altri organelli) a partire da procarioti si deve alla biologa Lynn Margulis.

In tal modo furono poste le basi per una nuova ondata di links: circa 570 milioni di anni or sono si verificò uno straordinario (e unico) evento che comportò la nascita di tutti i tipi (*phyla*) di organismi pluricellulari animali.

Questo sorprendente fiorire di forme di vita, denominato “esplosione del Cambriano”, ci è stato mirabilmente descritto, attraverso l'analisi dei fossili presenti negli argilloscisti di Burgess (Canada), da Stephen J. Gould nel suo famoso testo, intitolato *La vita meravigliosa*.

Un ulteriore fondamentale evento di unione è rappresentato dall'emergere della riproduzione sessuale, diffusa sia negli eucarioti unicellulari sia pluricellulari, che ebbe un ruolo notevole nell'evoluzione delle specie, come fu colto da Charles R. Darwin, il quale parlò anche di selezione sessuale, accanto a quella naturale.

Negli organismi pluricellulari si verificò la comparsa di un sistema nervoso, che nei Primati, dei quali fa parte Homo Sapiens, ha espresso un elevato livello di complessità: il cervello. Formato da più di cento miliardi di cellule nervose (neuroni), che, a loro volta, formano circa mille o più miliardi di connessioni (sinapsi), esso è la base fisiologica di tutte quelle funzioni “superiori” che solitamente attribuiamo alla mente – soprattutto il linguaggio simbolico – e che ci rendono così specifici, seppur non esclusivi.

Infine, tutte le forme di vita (la rete della vita) sono inter-relate tra di loro e con l'ambiente fisico che le ospita (nicchia) da delicati cicli ecologici, che sono a fondamento della biosfera, la cosiddetta “Gaia” di James Lovelock.

Possiamo, quindi, affermare che la storia della vita sia stata, in effetti, costellata dallo stabilirsi di un'incredibile serie di *links*. Il Cosmo e la vita, quali sistemi complessi, sembrano così emergere da processi che hanno il loro fondamento proprio nella capacità di formare legami.

Quali sono stati e quali sono i metodi scientifici adoperati per lo studio di questi sistemi?

La fisica moderna contempla leggi di notevole valore ed apparente semplicità: si pensi alle equazioni di Erwin Schrödinger relative alla meccanica quantistica ed all'incredibile, per semplicità e bellezza, legge di equivalenza tra energia e materia formulata da Albert Einstein, che costituisce il cuore della sua teoria della relatività.

Questi fantastici successi della scienza sono il frutto dell'approccio sperimentale (galileiano) allo studio dei fenomeni naturali, che ha nel riduzionismo e nel determinismo i suoi cardini.

Il riduzionismo è un metodo che implica la scomposizione di un sistema complesso – ad esempio una cellula – e lo studio delle sue componenti (membrane, organelli, ecc.), la cui conoscenza è poi utilizzata per comprendere e interpretare la funzione del tutto (la cellula), attraverso una spiegazione rigorosamente deterministica di causa/effetto, che implica un percorso logico lineare.

Questo metodo, ideato da Galileo, trovò una delle sue più fulgide applicazioni nella enunciazione della legge della gravitazione universale di Newton, del 1686 ed ebbe la sua massima espressione, ancora nel 1820, nell'opera di Pierre-Simon de Laplace, il quale sostenne, nel suo *Théorie analytique des probabilités*, che, se conoscessimo la posizione e la velocità (quantità di moto) delle particelle che costituiscono l'Universo, saremmo in grado non solo di predirne il futuro, ma anche di ricostruirne il passato.

L'approccio è ancora fortemente difeso e considerato un esclusivo strumento per lo studio della natura.

Infatti, molti illustri studiosi, tra i quali primeggia Steven Weinberg, sostengono che con questo metodo si possa giungere nel futuro a ciò che si definisce 'teoria del tutto', in base alla quale dovremmo poter spiegare tutti i fenomeni di natura con leggi fisiche universali.

D'altra parte, nel campo della biologia, Jacques Monod, premio Nobel per la Medicina nel 1965, nel suo lavoro del 1970, *Il caso e la necessità*, seminale per i moderni sviluppi della biologia e della genetica, sostenne con vigore il principio del riduzionismo biologico, secondo il quale la vita, concepita come il complesso degli eventi biochimici che la caratterizzano, possa essere studiata e compresa esclusivamente attraverso lo studio analitico delle singole vie metaboliche e dei singoli cicli metabolici individuati all'interno della stessa cellula vivente.

Infatti, in base a questo principio, la vita stessa altro non è se non l'insieme dei singoli eventi biochimici che si svolgono nell'organismo vivente; pertanto, dalla somma di questi eventi, al di fuori delle proprietà di ciascun evento biochimico cellulare in essa compreso, non emerge alcuna ulteriore proprietà.

Inoltre, lo stesso Monod fu anche un fautore molto influente del determinismo biologico, secondo il quale, come si è accennato, conoscendo le condizioni iniziali di un sistema biologico, quale una cellula-uovo fecondata – ossia tutti i singoli geni presenti nel DNA cellulare dell'ovocita fecondato – è possibile prevedere con certezza assoluta le caratteristiche fenotipiche dell'organismo pluricellulare adulto che si svilupperà a partire da quello stesso ovocita.

E' noto che la relatività generale fu sviluppata per la comprensione profonda del "molto grande": la cosmologia, l'astrofisica, lo studio delle onde gravitazionali e dei buchi neri; la meccanica quantistica è stata utilizzata per la comprensione profonda del "molto piccolo": la fisica atomica, nucleare e delle particelle elementari.

Ciononostante, fra la interpretazione einsteiniana del molto grande e la visione quantistica del molto piccolo c'è qualcosa che stride. Le due teorie scientifiche, per quanto entrambe siano state dimostrate attendibili da un numero elevato di prove sperimentali, sembrano contraddirsi l'una con l'altra, almeno nella loro forma attuale.

Infatti, uno studente che assista alle lezioni di relatività generale al mattino e a quelle di meccanica quantistica nel pomeriggio non potrebbe che concludere che i suoi professori non si siano mai parlati, perché gli insegnano contemporaneamente due immagini del mondo in contraddizione tra di loro: la mattina il mondo è uno spazio-tempo continuo e deformabile mentre il pomeriggio il mondo, lo spazio ed il tempo non esistono e nel vuoto quantistico compaiono e scompaiono quanti discreti di energia.

Inoltre, supponiamo che quello stesso studente abbia interesse a frequentare, oltre alle lezioni di fisica, anche le lezioni delle materie biologiche, che sono comunque materie scientifiche, dei corsi di laurea in Scienze Biologiche ed in Medicina.

Le materie biologiche, come è noto, non si occupano di oggetti appartenenti al mondo del molto grande - ossia, ad esempio, corpi del diametro di 10^9 metri, come il Sole - né, d'altra parte, si occupano di particelle appartenenti al mondo del molto piccolo, ossia, ad esempio, del diametro di 10^{-15} metri, quali gli elettroni.

Le scienze della vita, piuttosto, studiano quello che potremmo definire, mutuando l'espressione da JJ Tolkien, il “mondo di mezzo”, il quale è appannaggio, tra molte altre scienze, anche della biologia: un mondo costituito da oggetti non certo voluminosi quanto i corpi celesti, i quali nuotano nello spazio-tempo di Einstein, deformandolo, ma nemmeno delle dimensioni, estremamente ridotte, delle particelle subatomiche, il cui comportamento indeterminato può essere compreso solo attraverso la meccanica quantistica.

Infatti, gli “abitanti” di quello che abbiamo chiamato mondo di mezzo, ossia anche del mondo della vita, hanno dimensioni molto particolari e specifiche, comprese entro un range discreto che si estende da 10^{-6} metri, che è il diametro di un piccolo batterio, a 10^{-9} metri, che è il diametro della doppia elica del DNA eucariotico.

Ma di che tipo sono la fisica e la fisica-chimica, strettamente correlata alla fisica, adatte allo studio degli abitanti del mondo di mezzo, ossia degli organismi procarioti, delle cellule vegetali, delle cellule animali e dei fenomeni che li riguardano?

Per studiare il mondo di mezzo sarebbe opportuno continuare ad utilizzare la metodologia rigidamente deterministica, caratteristica della fisica classica ed utilizzata dallo stesso Monod – basata su un nesso tra la causa di un evento, la forza che lo determina e l'effetto, che, per l'appunto, è l'evento - oppure ci si dovrebbe servire della concezione relativistica, propria della fisica einsteiniana o ancora del principio di indeterminazione, proprio della fisica quantistica?

Per quanto ne sappiamo oggi, lo scenario della vita, e quindi l'ambito di studio delle materie biologiche, è la cellula, che altro non è che un compartimento pieno di acqua con pareti membranose. Questa separazione è vitale per formare ambienti nei quali possano svolgersi i processi necessari allo svolgimento, per l'appunto, della vita.

La cellula può essere considerata, nel mondo di mezzo, una sorta di “città-stato”, che la membrana cellulare delimita dall'esterno: come le mura di un borgo medievale o “fantasy”, la membrana tiene fuori le entità indesiderate e fa passare quelle importanti.

Chi sono i cittadini della città-cellula, nel mondo di mezzo?

Ovviamente nella cellula ci sono le molecole di acqua, un mezzo nel quale sono disciolti ioni e sali – sodio, potassio, magnesio, zolfo, calcio, fosfati, zinco, ferro, bicarbonati ed altre sostanze che agiscono come segnali ed attivatori chimici di altre attività cellulari – e ci sono anche, in sospensione nella stessa acqua, molte molecole più complesse, ciascuna composta da centinaia o da migliaia di atomi. Queste includono gli zuccheri, i lipidi, le proteine, strutturali e funzionali, come gli enzimi, le molecole composite, i coenzimi, il DNA, l'RNA e i motori molecolari complessi.

Le dimensioni di queste molecole variano da qualche nanometro – un nanometro equivale a 10^{-9} metri – a qualche millesimo di millimetro, detto anche micrometro, che equivale a 10^{-6} metri.

In altre parole, la cellula è piena di un tipo particolare di oggetti, le molecole biologiche, sospese nell'acqua e caratterizzate da dimensioni proprie del mondo di mezzo, comprese tra 10^{-6} metri e 10^{-9} metri.

Inoltre alcune cellule, come le cellule ematiche circolanti nel sangue degli organismi eucariotici, i batteri, altri procarioti ed entità macromolecolari non propriamente viventi, come i virus, sono abbastanza piccole da rientrare anch'esse fra gli abitanti del mondo di mezzo.

Come si comportano, all'interno delle cellule, le molecole di cui abbiamo parlato?

La risposta che comunemente viene data alla domanda è: queste molecole interagiscono tutte tra di loro, mediante reazioni chimiche, secondo un progetto, contenuto nel DNA cellulare ed un programma, coordinato dallo stesso DNA cellulare.

La biochimica classica, branca della chimica classica – le materie che verrebbero spiegate al nostro studente, se frequentasse le lezioni delle facoltà di Scienze Biologiche e di Medicina, per intenderci – studia, per l'appunto, le reazioni chimiche che coinvolgono tutte le molecole contenute all'interno di ciascuna cellula vivente, reazioni che danno origine a ciò che viene definita “vita”.

Esse comprendono le reazioni coinvolte nei processi di trascrizione e di traduzione del codice genetico, le reazioni cataboliche, che scindono le molecole organiche complesse in molecole più semplici, le reazioni anaboliche, che portano alla sintesi ed all'assemblaggio di molecole organiche più complesse a partire da biomolecole cellulari più semplici o da sostanze nutritive, i processi ossidoriduttivi di respirazione cellulare mediante accoppiamento della catena di trasporto degli elettroni e fosforilazione ossidativa, i meccanismi di trasporto attraverso la membrana cellulare, i meccanismi di trasduzione ed amplificazione dei segnali biochimici intracellulari ed i meccanismi di duplicazione cellulare.

Le suddette reazioni chimiche vengono comunemente descritte, a scopo didattico, con una metodologia semplice, basata sul principio del nesso di causalità: due molecole – le “cause” di una reazione chimica – interagendo tra di loro, producono “effetti”, ossia i prodotti della stessa reazione.

In genere, ciò non accade spontaneamente; perché possa accadere, infatti, di solito è necessaria la compresenza di una ulteriore molecola specializzata, che, utilizzando energia, agisca da catalizzatore – un enzima – e che applichi alle due molecole reagenti la “forza” indispensabile affinché la reazione si verifichi.

Pertanto, sempre secondo questo approccio didattico lineare classico, per illustrare le reazioni chimiche che caratterizzano la vita, si ricorre ad un linguaggio che richiama in qualche modo il metodo deterministico newtoniano, basato, per l'appunto, sul principio del nesso di causalità: i “corpi” (le molecole reagenti), “cause” degli “eventi” (le reazioni), attraverso delle “forze” (la catalisi enzimatica, che utilizza energia), producono degli “effetti” (i prodotti delle reazioni).

Nel 2016 un gruppo di ricercatori pubblicò sulla rivista “*Metabolomics*” un modello – denominato “Recon 2.2” - che comprende tutte le molecole conosciute, presenti all'interno di una cellula eucariotica, e che illustra e descrive in dettaglio tutte le reazioni chimiche conosciute che si verificano tra le suddette molecole. Recon 2.2 è ritenuto attualmente il più ampio, completo ed attendibile modello, pubblicato sino ad oggi, che descriva i comportamenti delle molecole del mondo di mezzo, all'interno delle cellule eucariotiche.

Tale modello evidenzia la presenza nella cellula eucariotica di 5324 differenti tipi molecole, coinvolte in 7785 differenti reazioni chimiche; le proteine, strutturali e funzionali, che controllano la sintesi delle suddette molecole ed il verificarsi delle suddette reazioni chimiche sono, a loro volta, controllate da 1675 geni diversi.

Se, sempre a scopo didattico, tutti i 5324 diversi tipi di molecole venissero raffigurati in una rappresentazione 3D, come sferette solide immerse in un gel, a sua volta posto a riempire l'interno di un contenitore sferico costituito da una parete semirigida, e se tutti i 7785 differenti tipi di reazioni chimiche che intercorrono tra i suddetti 5324 tipi di molecole venissero rappresentati da barrette rigide, che connettono tra di loro le suddette sferette, si otterrebbe una struttura reticolare tridimensionale, costituita da nodi – le sferette/molecole – e maglie – le barrette/reazioni – a sua volta rigida e molto ordinata.

Inoltre, se osserviamo attentamente la suddetta struttura reticolare 3D, essa ci appare caratterizzata da compartimentalizzazioni piuttosto nette. Infatti, nel contesto del reticolo, si osserva la presenza di “compartimenti”, ossia di zone occupate da gruppi di nodi – in numero discreto – i quali sono collegati esclusivamente tra di loro.

Per di più, i collegamenti tra i nodi di ogni specifico compartimento appaiono caratterizzati da un ordine interno ben preciso. Infatti, all’interno di ciascun compartimento, le maglie tra i nodi sono disposte a formare delle sequenze, lineari o cicliche.

Questi compartimenti rappresentano, nella esemplificazione del reticolo 3D, le cosiddette “vie metaboliche” ed i cosiddetti “cicli metabolici”, lungo i quali specifiche molecole, denominate substrati, reagiscono esclusivamente con specifici enzimi, con conseguente produzione di ulteriori, specifiche molecole, le quali, a loro volta, fungono da substrati specifici per altri enzimi, allo scopo di formare altri substrati, e così via.

All’interno della cellula eucariotica (raffigurata nella nostra esemplificazione didattica, come si è detto, come una membrana semirigida contenente un gel, nel quale è, a sua volta, immerso il suddescritto reticolo 3D) sono a loro volta presenti altre membrane semirigide, che circoscrivono, parzialmente o interamente, un numero discreto di spazi intracellulari.

All’interno di questi spazi circoscritti da membrane, detti “organelli citoplasmatici”, appaiono confinati alcuni dei suddetti compartimenti, ossia alcune delle suddette vie metaboliche e dei suddetti cicli metabolici.

A loro volta, i compartimenti sono connessi tra di loro, all'interno del reticolo 3D, da maglie che collegano soltanto un nodo di ciascun compartimento con un nodo di un altro compartimento, oppure un numero limitato e discreto di nodi di due compartimenti vicini: si tratta di specifiche reazioni chimiche che mettono in correlazione e fanno interagire tra di loro i prodotti finali e i prodotti iniziali delle diverse vie e dei diversi cicli metabolici.

Infine, sempre osservando attentamente la struttura reticolare 3D intracellulare, si nota al suo interno una precisa e rigida organizzazione gerarchica.

Infatti, ciascuno dei numerosi compartimenti suddetti - oltre ad essere collegato, mediante una o più maglie, con uno o più compartimenti vicini - è collegato, attraverso un numero elevato di maglie, con un compartimento posto al vertice di tutti i compartimenti.

Tale compartimento è costituito da un ciclo metabolico particolare, che comprende tutte le reazioni coinvolte nei processi di trascrizione e di traduzione del codice genetico, ossia tutte le reazioni attraverso le quali i geni presenti nel genoma, contenuto nelle molecole del DNA - a sua volta confinato in un organello intracellulare detto "nucleo cellulare" - vengono singolarmente trascritti nell'RNA messaggero, il quale, a sua volta, mediante complesse reazioni di traduzione, consente e controlla la sintesi delle proteine.

A loro volta, alcune proteine, dette strutturali, vengono utilizzate per la creazione di strutture cellulari mentre altre, dette funzionali, diventano substrati metabolici ed enzimi.

Infine, i substrati metabolici proteici e gli enzimi, prodotti dal compartimento preposto alla trascrizione ed alla traduzione del DNA cellulare, entrano a far parte di tutti gli altri compartimenti suddescritti, consentendone e modulandone le reazioni chimiche che li caratterizzano.

Proprio in questo modo, il compartimento preposto alla trascrizione ed alla traduzione del DNA cellulare svolge il suo ruolo apicale nei confronti di tutti gli altri compartimenti, ad esso subordinati, del reticolo 3D intracellulare.

Questo, descritto in modo semplice e sintetico, è il tipo di comprensione che oggi la stragrande maggioranza di coloro che si occupano di scienze biologiche e di medicina ha di ciò che fanno gli abitanti di quello che abbiamo chiamato mondo di mezzo, all'interno della cellula: le attività svolte da quei particolari oggetti, le cui dimensioni sono comprese tra 10^{-6} metri e 10^{-9} metri, i quali, per l'appunto, sono le molecole biologiche immerse nell'acqua contenuta nelle cellule viventi.

Infatti, come si è accennato sopra, alla domanda: “cosa fanno questi oggetti immersi nell'acqua, all'interno delle cellule?”, la biologia cellulare classica risponde che queste molecole organiche reagiscono tra di loro, dando luogo alle reazioni chimiche che caratterizzano la vita, ed aggiunge che l'insieme di tutte le reazioni biochimiche intracellulari sono interconnesse attraverso vie metaboliche e cicli metabolici, a loro volta determinati e coordinati, secondo un principio gerarchico, dai meccanismi di trascrizione e di traduzione del genoma.

Chi conoscesse tutte le formule chimiche di tutti i 5324 tipi diversi di molecole, raffigurate come sfere rigide, nel reticolo 3D, con il quale è stato rappresentato sinotticamente l'insieme di tutte le vie metaboliche e di tutti i cicli metabolici descritti nelle cellule eucariotiche umane, e sia capace di descrivere tutti i 7785 differenti tipi di reazioni chimiche che intercorrono tra i suddetti 5324 tipi di molecole, reazioni raffigurate come barrette rigide nel suddetto reticolo, potrebbe orgogliosamente ritenere di conoscere ogni aspetto biochimico della vita, un po' come il "demone", secondo Laplace, poteva orgogliosamente ritenere di conoscere l'intero universo e tutta la sua storia, passata, presente e futura!

Analogamente, sulla base di questi presupposti, chi conoscesse le funzioni dei circa 20.000 geni codificanti proteine, sequenziati nel genoma umano, mediante il cosiddetto "Progetto Genoma" (*Human Genome Project-HGP*), completato nel 2003, potrebbe ritenersi un ottimo conoscitore della genetica umana, almeno sulla base dell'attuale stato dell'arte della stessa genetica umana.

Inoltre, sempre sulla base di questi presupposti, chi conoscesse le funzioni di tutti i geni di una cellula-uovo fecondata di qualsiasi specie eucariotica, potrebbe orgogliosamente affermare di essere in grado di prevedere con precisione tutte le caratteristiche fenotipiche dell'organismo pluricellulare adulto, che da quella cellula-uovo fecondata si svilupperà

A questo punto, però, è lecito chiedersi: a) il rigido reticolo 3D, utilizzato per descrivere tutti gli eventi chimico-biologici che si verificano nella cellula, è un modello valido di rappresentazione di ciò che accade realmente nel mondo di mezzo cellulare? b) E' realmente corretta la rigida concezione gerarchica, secondo la quale tutti gli eventi chimico-biologici che si verificano nella cellula dipendono direttamente ed esclusivamente dalla informazione contenuta nel suo genoma?

In realtà, per quanto lo schema meccanicistico del metabolismo cellulare, sopra illustrato, sia stato e venga tutt'oggi utilizzato in innumerevoli applicazioni – in biologia, in fisiologia, in fisiopatologia, in farmacologia, in microbiologia, ecc. – in virtù della sua semplicità, della sua chiarezza, della sua praticità e della sua utilità, è emersa nel tempo una grande quantità di dati sperimentali che negano l'attendibilità e l'aderenza alla realtà di quello stesso schema.

Infatti, un numero notevole di osservazioni, condotte soprattutto nel corso degli anni '80 e '90 del secolo scorso ed effettuate prevalentemente con la tecnica della microscopia ad immunofluorescenza, ha permesso di documentare che la totalità dei processi cellulari essenziali per la vita – tra i quali il trasporto trans-membrana di ioni e metaboliti, il ripiegamento delle proteine e delle macromolecole complesse nelle loro forme funzionali, il funzionamento degli enzimi, le reazioni chimiche molecolari, l'azione contrattile delle molecole di actina e di miosina nelle fibrocellule muscolari ed i meccanismi di duplicazione del DNA – non avviene in maniera rigidamente consequenziale, ossia secondo un preciso nesso di causalità ed un altrettanto preciso ordine cronologico, nel modo in cui quegli stessi processi vengono descritti nello schema sopra citato.

Per contro, dall'osservazione microscopica diretta degli eventi molecolari che si svolgono nella cellula, emerge che gli eventi in questione si verificano in maniera apparentemente caotica ed imprevedibile.

Infatti, tutte le molecole osservate appaiono in perenne agitazione nel mezzo acquoso in cui sono immerse – un po' come le alghe nel mare e come la neve artificiale in sospensione nelle bocce piene d'acqua, vendute come souvenir – e si osservano continuamente fluttuare, contorcersi e muoversi tutte caoticamente, mentre collidono tra di loro.

Queste fluttuazioni, torsioni e collisioni apparentemente casuali si evidenziano in tutti i distretti: in corrispondenza delle membrane – sia della membrana cellulare sia delle membrane intracellulari - nel citoplasma ed in tutti gli organelli cellulari.

Inoltre, le membrane, anch'esse incessantemente fluttuanti, appaiono continuamente attraversate da flussi bidirezionali di molecole e di ioni.

Questo particolare comportamento delle molecole biologiche, rilevato empiricamente nel contesto del mezzo acquoso contenuto all'interno della cellula, non è affatto compatibile con il suddescritto modello meccanicistico, riduzionistico e deterministico; modello che è stato descritto, lo ricordiamo, come una struttura isolata dall'esterno, costituita da 5324 differenti tipi molecole, concepite come i nodi di un rigido reticolo 3D, e da 7785 differenti reazioni chimiche, rappresentate nello stesso reticolo come le maglie che interconnettono i nodi suddetti, secondo precise vie metaboliche e precisi cicli metabolici, a loro volta coordinati gerarchicamente, attraverso la sintesi di proteine strutturali e funzionali, da 1675 geni, presenti nella molecola del DNA nucleare.

Infatti:

a) Le molecole coinvolte nei fenomeni biologici che si svolgono all'interno della cellula non appaiono affatto confinate né all'interno della cellula stessa né all'interno dei vari organelli cellulari; viceversa, la stragrande maggioranza di esse viene osservata attraversare in continuazione tutte le membrane, secondo flussi bidirezionali e moti caotici.

Pertanto, il “sistema” - cellula, inteso come ambiente circoscritto da un “confine”, non può essere affatto considerato “isolato” dall’ambiente circostante – come sosteneva Monod - in quanto il suo confine, ossia la sua membrana cellulare, è attraversato, continuamente e bi-direzionalmente, sia da materia (l’insieme delle molecole che attraversano la membrana) sia da energia (l’energia che producono i movimenti caotici delle molecole che attraversano la membrana).

Inoltre, proprio in conseguenza di questi flussi molecolari, che attraversano la membrana cellulare continuamente ed in entrambi i sensi, il numero dei tipi di molecole presenti in qualsiasi momento nel mezzo acquoso cellulare non è affatto costante e non è affatto limitato a 5324; viceversa, esso cambia continuamente ed in modo imprevedibile

b) Il metabolismo cellulare non sembra affatto verificarsi in maniera schematica, ossia mediante rigide sequenze programmate di reazioni chimiche che si susseguono secondo un preciso ordine, cronologico e funzionale – le vie metaboliche ed i cicli metabolici - finalizzato alla sintesi di prodotti ultimi, a loro volta coinvolti sequenzialmente in altre vie metaboliche ed in altri cicli metabolici preordinati.

Per contro, tutte le molecole che si trovano immerse nel mezzo acquoso cellulare, animate da moti caotici, collidono incessantemente tra di loro in modo casuale.

Pertanto, collidono continuamente molecole che non possono affatto interagire tra di loro; di conseguenza, alle loro collisioni, ovviamente, non fa seguito alcuna reazione chimica.

D'altra parte, collidono incessantemente anche molecole che potrebbero interagire chimicamente tra di loro e che, tuttavia, se non collidono contemporaneamente anche con un enzima in grado di legarsi ad entrambe le sostanze e di catalizzare la loro reazione, di fatto non reagiscono.

Altre molecole ancora collidono con recettori e con enzimi dotati di affinità nei loro confronti; tuttavia, se la collisione non avviene in modo tale che le porzioni reattive delle molecole vengano in contatto diretto con i siti ad esse complementari, nei recettori e negli enzimi, l'interazione chimica, nonostante la collisione, non avviene comunque.

Ovviamente - e sempre in maniera casuale - può anche accadere che due molecole, effettivamente in grado di interagire chimicamente tra di loro, collidano in presenza di un enzima dotato di affinità nei loro confronti ed in stretta vicinanza con i siti reattivi dell'enzima stesso: in questo caso la reazione chimica tra le molecole stesse e l'enzima si verifica effettivamente.

Tuttavia, questo particolare e specifico tipo di collisione, al quale fa seguito una specifica reazione chimica, è solo uno dei numerosissimi tipi di collisioni molecolari che istante per istante si verificano nel contesto del mezzo acquoso contenuto all'interno della cellula, in cui si trova un numero innumerevole di molecole, tutte animate da moti caotici ed imprevedibili.

D'altra parte, i prodotti della reazione, che fa seguito alla collisione efficace, anch'essi animati da moti caotici ed imprevedibili, possono interagire con altre molecole e con enzimi ad essi affini; tuttavia, accade anche che quegli stessi prodotti collidano un numero elevatissimo di volte con numerosissime altre molecole, che non hanno alcuna affinità nei loro confronti.

Infine, le macromolecole proteiche, sia strutturali che funzionali e le macromolecole complesse – le glicoproteine, le lipoproteine, i lipopolisaccaridi ecc. – per interagire chimicamente tra di loro necessitano di conformazioni 3D particolari, dovute a particolari ripiegamenti ed arrangiamenti funzionali; tuttavia, le conformazioni e gli arrangiamenti che rendono quelle molecole biochimicamente attive, e quindi in grado di interagire efficacemente con altre macromolecole, non sono affatto stabili nel tempo.

Infatti, un gran numero di osservazioni sperimentali documenta che tutte le macromolecole, immerse nel mezzo acquoso cellulare, cambiano continuamente conformazione sterica e fluttuano come alghe nel mare, passando ininterrottamente e casualmente da conformazioni funzionali a conformazioni non funzionali.

Pertanto, se due proteine o due macromolecole complesse, che potrebbero interagire entrando in collisione, non si trovano entrambe, a causa delle loro fluttuazioni casuali, nelle conformazioni steriche specifiche che consentono ad esse stesse di reagire, esse di fatto non reagiscono chimicamente tra di loro.

Da quanto sopra enunciato si deduce che, sulla base delle osservazioni empiriche, il numero complessivo dei tipi di reazioni chimiche che, istante per istante, si svolge nell'ambiente acquoso di una cellula non è affatto costante e non corrisponde affatto al rigido dato quantitativo che emerge dal succitato modello meccanicistico riduttivo.

Infatti, istante per istante nella cellula si svolge un numero di tipi di reazioni chimiche sempre maggiore o minore di 7785, ma mai corrispondente esattamente ad esso.

c) Anche la rigida struttura tridimensionale a doppia elica del DNA eucariotico, ritenuta, secondo il modello di Watson e Crick – premi Nobel per la Medicina nel 1962 - la fedele depositaria dell'informazione genomica, dalla quale dipende gerarchicamente tutto il metabolismo cellulare, attraverso la trascrizione, la traduzione e la sintesi proteica, è un'astrazione teorica che non corrisponde alla realtà.

Infatti, diverse osservazioni, che documentano il comportamento del DNA all'interno del nucleo cellulare, dimostrano che i due filamenti che costituiscono la macromolecola sono in perenne agitazione nel mezzo acquoso nucleare, per cui, nel corso di questi movimenti, sezioni più o meno lunghe di un filamento si distaccano dalle sezioni corrispondenti del filamento complementare, formano loops, si spezzano in più punti e si ricongiungono, in maniera apparentemente casuale.

Pertanto, anche in conseguenza di questi fenomeni, non può più ritenersi attendibile il famosissimo dogma di Monod “un gene – una proteina”, in quanto ciascun gene, inteso come una specifica e discreta sequenza di nucleotidi in un filamento di DNA che contiene l'informazione per la sintesi di una particolare proteina, non può essere considerato come una unità strutturale immutabile, che codifica e codificherà sempre solo e soltanto per uno specifico polipeptide.

Per contro, dati i diversi tipi di arrangiamenti sterici che, istante per istante, può presentare la macromolecola del DNA, anche in base ai suoi movimenti nel mezzo acquoso, i geni vanno piuttosto intesi come unità funzionali, dotate di un'esistenza contingente e transitoria, che dipende istante per istante dalla dinamica delle macromolecole nucleari, immerse nell'acqua.

Da ciò si evince che i geni direttamente coinvolti nel controllo gerarchico del metabolismo di una particolare cellula si modificano continuamente.

Infatti, come varia istante per istante il numero dei tipi di metaboliti cellulari – per cui non si può ritenere che tale numero sia costantemente uguale a 5324, secondo quanto previsto dal modello meccanicistico – così variano istante per istante sia il numero di geni sia i tipi di geni che codificano per le diverse proteine, coinvolte nel suddetto metabolismo. Quindi, tale numero non è certo costantemente uguale a 1675 bensì è soggetto a continue variazioni.

Sulla base di quanto detto sinora, appare evidente che il modello meccanicistico e deterministico, per quanto tuttora ampiamente utilizzato in biochimica – e quindi in tutte le scienze biologiche e mediche - per esigenze di semplicità didattica ed applicativa, non è utilizzabile in modo corretto per lo studio degli eventi molecolari che si verificano all'interno della cellula, proprio perché non tiene conto della cinetica molecolare, caotica ed imprevedibile, che si verifica nel mezzo acquoso contenuto nella cellula stessa.

E' stato anche detto che il vecchio ed inadeguato modello meccanicistico del metabolismo cellulare era stato derivato direttamente dalla fisica deterministica e riduzionista newtoniana e laplaciana; la quale, a sua volta, è stata drammaticamente superata nel XX secolo sia dalla fisica relativistica, dimostratasi particolarmente valida per lo studio del mondo macroscopico, fatto di stelle e di galassie, sia dalla fisica quantistica, che invece si occupa del mondo microscopico, fatto particelle subatomiche.

Ci sono numerosissimi libri di fisica contemporanea sul mondo degli atomi, sugli strani fenomeni che coinvolgono elettroni, nuclei, quark, superstringhe, incertezza quantistica, fenomeni che avvengono ad una scala di 10^{-15} metri.

All'estremo opposto, si trovano scaffali interi di libri sulla moderna fisica delle scale gigantesche: la relatività generale che si occupa delle stelle, come il sole, con diametro di 10^9 metri, delle galassie e dell'intero universo.

Tuttavia, il mondo di mezzo, fatto di oggetti con dimensioni comprese tra 10^{-6} metri e 10^{-9} metri, tra i quali sono comprese anche le molecole della vita, contenute nel mezzo acquoso delle cellule, non potendo essere studiato, per questioni di dimensioni, né con metodi derivati dalla fisica relativistica né con metodi derivati dalla fisica quantistica, ha ricevuto, in tempi recenti, relativamente poca attenzione da parte della fisica moderna, pur essendo almeno altrettanto importante ed interessante rispetto all'universo ed alla struttura dell'atomo.

Eppure bisogna riconoscere che il mondo di mezzo non può non destare curiosità in chiunque. Il mondo di mezzo, infatti, non desta curiosità soltanto perché oggi in fisica moderna se ne parla poco ma anche per una ragione assai più importante. La materia, a quelle scale, si comporta in modo molto particolare: gli oggetti del mondo di mezzo sono del tutto incapaci di stare fermi.

Molto di recente è stato introdotto un approccio metodologico differente allo studio del mondo di mezzo – in perenne movimento - molto ben adattabile alla biologia. Queste nuove conoscenze traggono origine dall'attività di numerosi studiosi in differenti settori della scienza.

Le profonde radici di queste nuove conoscenze sono riconducibili alla fine del XIX secolo, periodo nel quale alcuni scienziati, in contrasto con altri, accettarono l'ipotesi dell'esistenza degli atomi e delle molecole e, sulla base di osservazioni sperimentali del moto di particelle immerse nei liquidi, si resero conto che nei fluidi, come i gas e l'acqua, tutte le molecole sono caratterizzate da moti incessanti, casuali e caotici, che le portano a collidere tra di loro.

A quel periodo corrisponde la nascita di una nuova branca della fisica, detta "termodinamica statistica", che si pose come obiettivo la definizione delle proprietà complessive della materia attraverso, per l'appunto, lo studio della cinetica, ossia dei moti degli atomi e delle molecole che la costituiscono.

L'aggettivo "statistica" deriva dal fatto che, dato il numero elevatissimo di atomi e di molecole presenti in un sistema – come, ad esempio, una cellula vivente - nella valutazione delle proprietà macroscopiche della materia contenuta nel sistema, non potendo essere studiato, mediante la fisica classica newtoniana, il moto di ogni singolo atomo e di ogni singola molecola, viene studiato il comportamento cinetico medio di tutti gli atomi e di tutte le molecole presenti nel sistema stesso.

Al più grande pioniere della termodinamica statistica, il fisico austriaco Ludwig Boltzmann, va il merito di avere introdotto nel 1877, nell'ambito della termodinamica statistica, la formulazione moderna del concetto di entropia.

La grande intuizione di Boltzmann consistette, come si è accennato sopra, nel ritenere che tutti i fluidi siano costituiti da un numero elevatissimo, e pertanto non quantificabile, di molecole in perenne agitazione, le quali, animate da moti caotici ed imprevedibili, collidono in continuazione tra di loro e con le pareti dei contenitori nei quali si trovano.

Boltzmann considerò l'entropia proprio come la misura del numero delle configurazioni microscopiche – e quindi indistinguibili tra di loro macroscopicamente - che le molecole contenute in un sistema termodinamico possono assumere.

La concezione dell'entropia secondo la termodinamica statistica di Boltzmann non è in contrasto con la concezione dell'entropia che, nell'ambito della termodinamica classica, diedero Kelvin e Clausius.

Infatti, Kelvin e Clausius, come si è detto, considerarono l'entropia come la misura del disordine di un sistema termodinamico.

A loro volta, sempre secondo Kelvin e Clausius, le variazioni del disordine di un sistema termodinamico sono strettamente dipendenti, in quanto direttamente proporzionali, alle variazioni della temperatura dello stesso sistema.

Infatti, con il termine “disordine” essi definivano l’effetto prodotto dalla necessaria dispersione, da parte del sistema-macchina termica che compie un lavoro, del calore inutilizzabile, da essa prodotto, nel serbatoio freddo della macchina stessa.

Pertanto, maggiore è la quantità di calore inutilizzabile, prodotto e disperso nel serbatoio freddo del sistema – quindi maggiore è l’aumento di temperatura del sistema - maggiore è il disordine del sistema stesso.

Di conseguenza, secondo la termodinamica classica, l’entropia è una misura del disordine, che a sua volta dipende strettamente dalla temperatura di un sistema termodinamico.

Boltzmann accettò in pieno il concetto di entropia intesa come misura di disordine di un sistema.

Tuttavia, a differenza di Kelvin e di Clausius, Boltzmann liberò il concetto di disordine di un sistema dal suo legame di dipendenza dal parametro della temperatura del sistema stesso.

Infatti, secondo la concezione statistica di Boltzmann, il disordine di un sistema termodinamico non è espresso in funzione della temperatura del sistema stesso, come del resto non è espresso nemmeno in funzione degli altri due parametri termodinamici classici, ossia il volume e la pressione: il disordine di un sistema, secondo Boltzmann, consiste esclusivamente nel numero delle configurazioni microscopiche possibili delle molecole in esso contenute.

Proprio per questo motivo, l'entropia, secondo la termodinamica statistica, è la misura del disordine inteso, come si è detto, semplicemente ed esclusivamente come numero delle possibili configurazioni delle molecole di un sistema termodinamico.

Infatti, la formula – semplicissima e chiarissima - con la quale Boltzmann descrisse l'entropia “assoluta” di un sistema termodinamico, è la seguente:

$$S = k \log W$$

dove:

S = entropia.

k = costante di Boltzmann (utilizzata dallo stesso Boltzmann semplicemente come “correttore”, ossia solo per garantire che le variazioni di entropia di un sistema termodinamico, calcolate con questa formula, coincidano con quelle calcolate usando il metodo di Clausius).

W = numero delle configurazioni microscopiche possibili delle molecole contenute in un sistema termodinamico, che siano indistinguibili tra di loro macroscopicamente e, quindi, che non determinino modificazioni dell'energia totale del sistema stesso.

E' interessante osservare che, molto acutamente, Boltzmann concepì la sua legge dell'entropia come una funzione logaritmica.

Infatti, in fisica ed in biologia, le funzioni logaritmiche si sono sempre dimostrate, specie nell'era pre-informatica, di grande utilità pratica, perché consentono di calcolare agevolmente variazioni molto ampie della loro variabile dipendente – in questo caso S – in conseguenza di variazioni limitate della variabile indipendente, ossia W , nella legge di Boltzmann.

Infatti, come si è visto, la funzione logaritmica di Boltzmann prevede, con grande precisione ed attendibilità, che piccole variazioni del numero delle configurazioni microscopiche molecolari di un sistema (W) determinino notevolissime variazioni dell'entropia (S).

Come si è visto, la legge dell'entropia di Boltzmann dimostra in modo incontrovertibile che in un sistema isolato lontano dall'equilibrio termodinamico – ossia un sistema termodinamico che non può scambiare né energia né materia con l'ambiente esterno, come, ad esempio, un contenitore dalle pareti rigide ed isolato ermeticamente, in una parte del quale sia stato inserito il fluido - l'entropia, ossia il suo grado di disordine interno, aumenta inevitabilmente ed irreversibilmente nel tempo, fino al raggiungimento dell'equilibrio termodinamico, che corrisponde alla distribuzione omogenea di tutte le molecole del fluido stesso in tutto il contenitore.

Infatti, come si è detto, il numero delle conformazioni possibili, per i miliardi di molecole contenute in un sistema termodinamico isolato contenente un fluido, aumenta in maniera esponenziale man mano che lo stesso fluido si distribuisce in tutto il sistema; pertanto, le probabilità che quelle molecole del fluido, inizialmente contenuto solo in una parte del sistema, si distribuiscano equamente in tutto il sistema sono dell'ordine di alcune migliaia di miliardi, a fronte di una probabilità quasi nulla che le molecole del fluido ritornino tutte spontaneamente nella porzione di sistema nel quale si trovavano originariamente.

E poiché, secondo la termodinamica statistica, l'entropia, ossia la misura del disordine, come si è detto, è proprio la misura del numero delle configurazioni che le molecole contenute in un sistema termodinamico possono assumere, dato che in un sistema termodinamico isolato questo numero aumenta irreversibilmente, anche l'entropia, cioè il disordine del sistema, aumenta irreversibilmente.

Proprio con il concetto dell'aumento irreversibile dell'entropia in un sistema isolato si identifica l'enunciazione più valida, per le applicazioni nelle scienze biologiche, del secondo principio della termodinamica, enunciazione che viene espressa dalla seguente formula:

$$\frac{diS}{dt} \geq 0$$

Secondo l'espressione matematica del secondo principio della termodinamica, sopra riportata, la variazione di entropia interna diS , in un sistema termodinamico isolato, nel tempo dt , è maggiore o uguale a zero.

Sostenere ciò equivale ad affermare che nell'intero universo, inteso esso stesso come un sistema termodinamico isolato, esiste un'inevitabile tendenza al disordine. L'entropia, infatti, assume il valore massimo al raggiungimento, nel tempo, dell'equilibrio termodinamico, al quale corrisponde il massimo disordine delle particelle che compongono il sistema isolato: qualunque sistema isolato, compreso l'universo.

Appena ventotto anni dopo la pubblicazione dello storico lavoro sull'entropia, nel 1905, un altro grandissimo pioniere della fisica moderna, Albert Einstein, rivalutò l'opera di Boltzmann, attraverso uno studio analitico del moto browniano – ossia del moto delle particelle immerse nei liquidi – totalmente basato sulla statistica, nel quale egli riprese e rielaborò i risultati dello stesso Boltzmann. Scrisse infatti Einstein, rifacendosi a lui: “Una particella immersa in un mare di molecole invisibili si comporterà esattamente come se fosse essa stessa una molecola”. Inoltre, lo stesso Einstein affermò che il secondo principio della termodinamica, nella formulazione statistica fattane da Boltzmann, “è di gran lunga la più importante legge fisica di tutti i tempi”.

Quasi contemporaneamente, in quegli anni del primo Novecento, la struttura atomica della materia fu scoperta e documentata, come fu ampiamente documentata l'esistenza delle molecole.

Tuttavia, dopo la morte del grande fisico austriaco, bisognò attendere fino al 1943 perché la metodologia della termodinamica statistica di Boltzmann venisse rivalutata, ad opera di un altro grandissimo fisico - austriaco anche lui e, tra l'altro, pioniere della meccanica quantistica – e venisse utilizzata, per la prima volta, come metodologia per lo studio della vita.

Che cos'è la vita? è infatti un seminale saggio scientifico del 1944, pubblicato da Erwin Schrödinger e tradotto in Italiano nel 1946 dal biofisico Mario Ageno, uno dei “ragazzi di via Panisperna”, i famosi allievi di Enrico Fermi.

Il libro è la trascrizione di un ciclo di conferenze pubbliche tenute da Schrödinger nel 1943 all'università di Dublino, presso la quale lo stesso Schrödinger insegnò negli ultimi anni della sua vita. Le lezioni attirarono un pubblico di circa 400 persone, preventivamente informate “che l'oggetto della trattazione era difficile e che le lezioni non sarebbero state divulgative”.

Le lezioni si concentrarono su un importante interrogativo: “Come possono gli eventi che si svolgono all'interno di un organismo vivente essere spiegati dalla fisica e dalla chimica”?

Schrödinger, affrontò questo argomento in modo pionieristico e, tuttavia, con grande profondità, basando la trattazione proprio sul concetto di entropia e sulla formulazione del secondo principio della termodinamica, fatta da Boltzmann.

Il nucleo dell'opera è infatti il cosiddetto “paradosso di Schrödinger” (da non confondere con il “paradosso del gatto di Schrödinger”, che invece riguarda la fisica quantistica):

Postulato a) Secondo Boltzmann, in un mondo governato dalla seconda legge della termodinamica, tutti i sistemi isolati si portano spontaneamente, e più o meno rapidamente, ad uno stato di massimo disordine e di massima entropia.

Postulato b) La cellula vivente è anch'essa un sistema termodinamico; pertanto, anche il sistema-cellula deve soggiacere al secondo principio della termodinamica.

c) Tuttavia, presupponendo che a) e b) siano veri, ne deriverebbe che la cellula non potrebbe essere vivente; infatti, se la cellula vivente realmente soggiacesse al secondo principio della termodinamica, lo spontaneo e rapido incremento del disordine e dell'entropia al suo interno, dovuto proprio ai moti caotici ed imprevedibili delle sue molecole, abitanti del mondo di mezzo (10^{-6} metri - 10^{-9} metri), porterebbe in breve tempo la cellula stessa ad uno stato di equilibrio termodinamico, ossia di massimo disordine, che corrisponderebbe alla sua morte.

d) Per contro, nel sistema-cellula, nonostante i moti caotici che coinvolgono costantemente tutte le molecole che si trovano al suo interno – moti che, come abbiamo detto, sono stati ampiamente documentati, negli anni '80 e '90 del secolo scorso, mediante osservazioni microscopiche effettuate con la tecnica dell'immunofluorescenza – tuttavia si verificano comunque specifiche sequenze di reazioni biochimiche, parzialmente compartimentalizzate, funzionali al mantenimento di uno stato altamente ordinato e a bassa entropia interna, il quale, a sua volta, è una condizione necessaria alla vita: le cosiddette vie metaboliche ed i cosiddetti cicli metabolici.

e = - b) Pertanto, il sistema-cellula vivente nega il postulato b), in quanto, di fatto, non soggiace al secondo principio della termodinamica.

La soluzione di questo paradosso, fornita dallo stesso Schrödinger, è che il sistema-cellula non è affatto un sistema termodinamico isolato. Infatti, sostenne Schrödinger, il sistema-cellula è un sistema termodinamico aperto, ossia in grado di scambiare sia materia sia energia con l'ambiente esterno, attraverso il proprio confine.

Pertanto, proprio in virtù della possibilità di cui dispone di scambiare materia ed energia con l'ambiente, la cellula può eliminare attivamente materia disordinata ed energia inutilizzabile per il lavoro nell'ambiente – diminuendo in tal modo la propria entropia interna (o, come disse lui stesso, “incrementando la propria neghentropia”) ed aumentando l'entropia dell'ambiente – e, d'altra parte, fare entrare attivamente materia ed energia libera chimica, utilizzabile per il lavoro biosintetico.

“La cellula” – affermò Schrödinger – “è un sistema termodinamico aperto, in grado di mantenersi autonomamente in uno stato energetico di disequilibrio dinamico stazionario e in grado di dirigere una serie di reazioni chimiche verso la sintesi di se stesso”.

A Schrödinger va indubbiamente attribuito il grande merito di aver rivalutato il pensiero di Boltzmann e di aver compreso che lo studio della vita non può essere condotto con una metodologia deterministica e riduzionistica perché non può prescindere dallo studio della complessità dei moti e delle interazioni di un numero molto elevato di molecole che si agitano caoticamente nel mezzo acquoso della cellula.

Tuttavia, lo stesso Schrödinger non seppe spiegare in quali modi il sistema-cellula vivente, termodinamicamente aperto, potesse effettivamente mantenere dinamicamente nel tempo uno stato lontano dall'equilibrio, mantenendo bassa la propria entropia interna.

Ciononostante, Schrödinger intuì comunque che nella cellula dovessero esistere delle strutture in grado di dotare la cellula stessa di “informazione”.

L’“in-formazione”, per lo studioso, era, in senso letterale, la capacità di dare “formazione”, ossia “ordine” al sistema. In pratica, secondo Schrödinger, l’informazione era l’opposto dell’entropia.

Schrödinger attribuì la capacità di mantenere l’informazione cellulare ad un ipotetico “cristallo aperiodico”, preconizzando in tal modo la molecola del DNA, che da lì a poco sarebbe stata scoperta da Watson e Crick e che sarebbe stata universalmente riconosciuta come sede del “genoma”, ossia (lo ripetiamo) l’insieme di tutti i geni che codificano per la sintesi di tutte le proteine cellulari e, pertanto, danno informazione al sistema-cellula e mantengono il suo stato ordinato a bassa entropia.

Tuttavia, in quel periodo, il grande studioso, non disponendo di un approccio metodologico adeguato, non ebbe modo di potere chiarire con quali strumenti l’informazione – indipendentemente dalla struttura che la detenesse – potesse mantenere l’insieme delle numerose molecole biologiche contenute nel citoplasma cellulare, caratterizzate da moti ed interazioni complessi, in uno stato dinamico lontano dall’equilibrio e a bassa entropia, capace di canalizzare una serie di reazioni chimiche verso la sintesi dello stesso sistema-cellula.

Proprio per il fatto che Schrödinger non disponeva di tale metodologia, e dato che negli anni ‘40 del secolo scorso, dopo di lui, tale metodologia non fu sviluppata, né in campo fisico né in campo biologico, per lo studio del fenomeno della vita si continuò ad adottare il metodo riduzionistico e deterministico, sostenuto da Monod e tuttora ampiamente in uso nell’ambito delle scienze biologiche e mediche.

Solo di recente questo metodo è stato messo in crisi, proprio in seguito all’affermarsi di un nuovo approccio metodologico anti-riduzionistico.

Tale approccio è la teoria della complessità.

Uno dei grandi geni dell'umanità, Johann W. Goethe, nel suo *Studio su Spinoza* aveva con largo anticipo compreso che “ciò che chiamiamo parte di un essere vivente, è talmente inseparabile dal tutto che le stesse parti possono essere comprese soltanto nel e con il tutto; e né le parti possono essere adoperate come misura del tutto, né il tutto come misura delle parti”.

Questo passo goethiano può essere a tutti gli effetti considerato il manifesto della teoria della complessità, una nuova branca della scienza, dalle radici antiche, che si occupa di sistemi complessi.

Uno dei pionieri della teoria della complessità fu Ilya Prigogine, chimico e fisico russo naturalizzato belga, Premio Nobel per la Chimica nel 1977, che diresse l'Istituto Internazionale Solvay di Bruxelles ed il Centro Internazionale di Meccanica Statistica e di Termodinamica dell'Università di Austin, nel Texas.

Nel 1967, Prigogine, ripartendo dagli studi di Boltzmann e di Schrödinger, elaborò la nozione di struttura dissipativa.

Una struttura dissipativa, secondo Prigogine, è un sistema termodinamico aperto in grado di scambiare materia, energia ed entropia con l'ambiente e di mantenersi nel tempo, spontaneamente ed autonomamente, lontano dall'equilibrio, mediante dissipazione di entropia nell'ambiente.

Prigogine, traendo spunto dal lavoro di Schrödinger, aveva intuito, già nei primi anni '60, che la caratteristica essenziale delle cellule viventi è, per l'appunto, quella di essere strutture dissipative: una cellula “vive” in quanto assorbe energia libera dall'esterno e la elabora per generare uno stato interno di entropia più bassa.

Per di più, Prigogine aveva anche intuito che le strutture dissipative, tra le quali rientrano le cellule viventi, per essere tali, devono essere capaci, come aveva già capito Schrödinger prima di lui, di auto-organizzazione, ossia devono produrre autonomamente la capacità ed i mezzi per mantenersi nel tempo distinte dall'ambiente, lontane dall'equilibrio ed a bassa entropia.

Infine, l'impulso più importante allo sviluppo della teoria della complessità va attribuito a quella straordinaria esperienza di scienziati di varia formazione, tra i quali Murray Gell-Mann, Stuart Kauffman e altri, che nel 1984 fondarono il Santa Fe Institute for the Study of Complexity.

Un sistema complesso, secondo Kauffman, è un sistema composto da diversi sottosistemi, che interagiscono tra loro in modi non valutabili analiticamente, per cui i sottosistemi non possono essere studiati e descritti individualmente, come non possono essere studiate e descritte individualmente le loro interazioni.

Pertanto, sono applicabili allo studio dei sistemi complessi solo indagini di tipo olistico - anziché riduzionistico – che consentano lo studio in toto dei comportamenti dei singoli sottosistemi e delle loro reciproche interazioni.

Infatti, per lo studio olistico dei sistemi complessi si adoperano di norma appositi modelli matematici, detti “non lineari”. La solubilità delle equazioni matematiche dei modelli matematici non lineari non è mai possibile. Sono possibili solo simulazioni numeriche di soluzioni, in genere ottenibili con l'utilizzo di computer. Proprio questo è il motivo principale per il quale l'evoluzione dello studio dei sistemi complessi è avvenuta solo dopo lo sviluppo della tecnologia informatica.

La maggior parte dei sistemi fisici reali sono sistemi complessi. Un tipico esempio di sistema complesso è, per l'appunto, il sistema-cellula vivente.

In natura, sostiene Kauffman, i sistemi complessi sono tutti sistemi dinamici: in quanto tali, tendono a passare attraverso tre regimi di comportamento: a) caotico; b) critico, vale a dire al confine tra ordine e caos (*edge of chaos*); c) ordinato.

Il concetto di sistema complesso dinamico si adatta perfettamente, dal punto di vista metodologico, allo studio degli eventi biochimici che caratterizzano il mondo di mezzo della cellula vivente.

Si è detto, infatti, che le molecole biologiche, immerse nel mezzo acquoso del citoplasma cellulare, appaiono, alle osservazioni sperimentali eseguite con il metodo della immunofluorescenza, in perenne movimento caotico ed imprevedibile.

Tuttavia, i modelli non lineari di Kauffman dimostrano, per l'appunto, che i sistemi complessi dinamici, specialmente quelli costituiti da un numero molto elevato di componenti – come, per l'appunto, il sistema-cellula vivente ed il suo mondo di mezzo interno, costituito da numerosissime molecole biologiche – passano istante per istante, spontaneamente, dallo stato caotico allo stato critico – *edge of chaos* – e dallo stato critico allo stato caotico.

Ora, mediante lo studio statistico di questi continui passaggi dei sistemi complessi dinamici dallo stato caotico allo stato critico e viceversa, è stata dimostrata la costante comparsa di “asimmetrie”.

Infatti, Kauffman ha documentato matematicamente che, nonostante un sistema complesso dinamico passi continuamente e spontaneamente attraverso i due stati, è comunque costantemente presente una maggiore probabilità che lo stesso sistema passi dallo stato caotico a quello critico piuttosto che dallo stato critico allo stato caotico.

Inoltre – aggiunge lo studioso - quando un sistema complesso dinamico si trova nello stato critico, frequentemente manifesta le cosiddette “proprietà emergenti”.

Questa locuzione era stata introdotta nei primi anni '20 del secolo scorso dal filosofo Charles D. Broad, per indicare dei comportamenti che emergono in un sistema quando lo stesso raggiunge un certo livello di complessità ma che sono assenti quando il sistema stesso si trova a livelli di complessità inferiori. E' un fenomeno che riguarda tutti i livelli di descrizione della natura: dai sistemi fisici, a quelli biologici, fino a quelli sociali.

Kauffman, negli anni '80 del secolo scorso, riprese ed elaborò questo concetto in ambito fisico, chimico e biologico.

Le proprietà emergenti di un sistema complesso dinamico, che lo stesso sistema presenta quando dallo stato caotico passa allo stato critico, consistono nella comparsa spontanea ed autonoma di fenomeni nuovi, non descrivibili nello stesso sistema quando questo si trova nello stato caotico.

I fenomeni o comportamenti "emergenti" dei sistemi complessi dinamici nello stato critico, secondo Kauffman, sono comportamenti globali, non riferibili ai singoli sottosistemi né espressione della somma dei comportamenti dei singoli sottosistemi, con proprietà non riferibili ai singoli sottosistemi, non prevedibili e non desumibili dallo studio dei sottosistemi che compongono il sistema e delle loro interazioni.

Tra i fenomeni emergenti dei sistemi complessi dinamici il più frequente è l'auto-organizzazione.

L'auto-organizzazione è il risultato di un processo dal basso in alto (*bottom-up*), attraverso il quale un sistema complesso, allo stato critico, riorganizza spontaneamente ed autonomamente le sue componenti, per creare una maggiore complessità e nuove proprietà, che non sono riscontrabili nelle sue parti.

Un caso tipico di auto-organizzazione e la produzione di “attrattori”, studiati anche nella teoria del caos.

Un “attrattore”, o ciclo degli stati, è un fenomeno emergente, caratterizzato da un andamento ciclico che si mantiene spontaneamente ed indefinitamente, purché non venga perturbato da un fattore esterno, anche di minima entità.

Tipicamente, in presenza di un fenomeno di auto-organizzazione, i sistemi complessi dinamici generano nuove strutture e forme, formano legami, reti di legami e fenomeni di circolarità (A influenza B e B influenza A) e mostrano capacità di apprendimento, che si realizza per prove ed errori.

Kauffman ha affrontato lo studio del comportamento degli abitanti del mondo di mezzo biologico – le molecole biologiche nel mezzo acquoso della cellula – proprio in quanto fenomeno emergente dell'auto-organizzazione del sistema complesso dinamico costituito dalla cellula vivente.

Pertanto, secondo il modello di Kauffman, le numerosissime molecole biologiche del mondo di mezzo cellulare – che appaiono all'osservazione sperimentale nello stato caotico – istante per istante passano, nel loro complesso, dallo stato caotico allo stato critico.

D'altra parte, frequentemente, le stesse molecole del mondo di mezzo cellulare ritornano, altrettanto spontaneamente, allo stato caotico.

Ciononostante, in alcuni casi, di fatto accade che, quando il sistema-cellula vivente ritorna, altrettanto spontaneamente, allo stato critico, il complesso di tutte le molecole del mondo di mezzo cellulare si auto-organizza spontaneamente - per effetto di una proprietà emergente dallo stesso insieme di tutte le molecole – e, per qualche istante, passa allo stato ordinato, costituendo, altrettanto spontaneamente, il reticolo 3D ordinato di vie metaboliche e cicli metabolici, gerarchicamente organizzato e con il genoma in sede apicale, descritto in Recon 2.2.

Nel sistema-cellula vivente, come in tutti i sistemi complessi dinamici, la proprietà dell'auto-organizzazione si manifesta temporaneamente, in quanto il sistema ritorna, sempre spontaneamente, dallo stato ordinato allo stato critico e quindi di nuovo allo stato caotico.

Tuttavia, persiste nel sistema-cellula vivente la continua tendenza - documentata statisticamente da Kauffman, come si è visto, attraverso i suoi modelli non lineari “asimmetrici” - a ritornare dallo stato caotico allo stato critico, a manifestare continuamente la proprietà emergente dell'auto-organizzazione e, quindi, a ripassare allo stato ordinato, con le proprie vie metaboliche e con i propri cicli metabolici efficienti.

Proprio in conseguenza di questi continui passaggi del sistema complesso dinamico, costituito dal mondo di mezzo cellulare, dallo stato caotico a quello critico e da quello critico a quello ordinato e proprio per la continua emergenza, nel sistema allo stato critico, del fenomeno dell'auto-organizzazione, che comporta la temporanea, ma frequentemente ripetuta nel tempo, comparsa del reticolo 3D delle vie metaboliche e dei cicli metabolici, la cellula conserva dinamicamente le proprie caratteristiche di “sistema termodinamico aperto, in grado di mantenersi autonomamente in uno stato energetico di disequilibrio dinamico stazionario e in grado di dirigere una serie di reazioni chimiche verso la sintesi di sé stesso”, come aveva intuito Schrödinger.

La teoria della complessità, adottata da Kauffman per lo studio della vita a livello cellulare, fu adottata anche, dallo stesso studioso, per lo studio dell'origine della vita.

La sua indagine partì dall'analisi delle cosiddette reti autocatalitiche, già prese in considerazione da altri studiosi, fra i quali Eigen.

Secondo il biofisico della Scuola di Santa Fe, le prime molecole organiche erano collegate attraverso complicati intrecci di reazioni e retroazioni; lo studioso ha utilizzato le reti booleane stocastiche per simulare il "calderone primordiale". Il suo modello è semplice e risponde alla logica binaria:

- presenza/assenza (ON-OFF) di un dato composto;
- sua funzione catalizzatrice (SI/NO, ON-OFF).

Il sistema è rifornito di "alimenti", costituiti da monomeri in grado di formare lunghe catene.

Le simulazioni attraverso modelli booleani hanno mostrato che, quando sono presenti specie chimiche di grandezza compresa tra 10^{-6} metri e 10^{-9} metri e le stesse sono in numero superiore a 10^3 , si innescano spontaneamente reazioni autocatalitiche.

Il fenomeno non appare affatto fortuito, anche perché l'ordine di grandezza è uguale a quello che rappresenta la diversità di composti presenti nelle cellule procariotiche, oltre che eucariotiche.

Insomma, malgrado il sistema “non sappia” quali molecole siano necessarie, né cosa catalizzi cosa, se è presente un numero sufficientemente vario di composti, il miscuglio di abitanti del mondo di mezzo improvvisamente – anche se solo temporaneamente - si trasforma in una rete fluida, dinamica, autocatalitica integrata, dove ciascun componente è catalizzato da almeno un altro del sistema; si assiste così alla comparsa di un sistema complesso ed ordinato, in altre parole alla nascita di un metabolismo e quindi alla comparsa ed al mantenimento della vita, senza bisogno – almeno inizialmente – di informazione genetica né di selezione naturale.

Sempre spontaneamente, si formano cicli di retroazione – “*feedback*” – che creano meccanismi omeostatici all’interno del sistema.

Quindi, attraverso ulteriori fenomeni emergenti auto-organizzativi, il sistema, costituito da abitanti del mondo di mezzo, costantemente in uno stato critico, “*on the edge*” tra gli stati caotico ed ordinato – stati nei quali entrano e dai quali escono continuamente - mediante ulteriori processi “*bottom-up*”, crea autonomamente e spontaneamente una rete di reazioni anche con molecole di acidi nucleici, le quali, a loro volta e progressivamente, assumono un controllo gerarchico del metabolismo cellulare, tanto nelle cellule procariotiche quanto in quelle eucariotiche; controllo che, comunque, è sempre *on the edge* e riceve continui *feedback* dagli altri metaboliti.

Pertanto, secondo lo scienziato, le cellule, gli organismi, gli ecosistemi non possono essere frutto soltanto della selezione e della mutazione; questi due fattori, pur necessari, agiscono su un ordine che si crea spontaneamente, al quale la materia si mostra predisposta.

Il modello di Kauffman, se confermato, risolverebbe le critiche rivolte alla abiogenesi.

Se infatti si calcola la probabilità che ha una proteina funzionante di assemblarsi a caso, si ottengono cifre estremamente basse: dovunque sia nata la vita, gli aminoacidi possono essersi formati spontaneamente, ma la più piccola proteina, costituita da una determinata sequenza di aminoacidi, disposti in un certo ordine, ha una probabilità molto bassa di assemblarsi nel modo giusto; le proteine nelle cellule sono molto numerose e rappresentano solo una parte del complesso sistema vita.

Un esempio calzante dell'improbabilità che tale evento si realizzi per puro caso, è immaginare una scimmia che, battendo su una tastiera scriva, se non la Divina Commedia, almeno un sonetto di Leopardi. Un altro paragone divertente è quello utilizzato da Hoyle, secondo cui la sintesi degli enzimi necessari per la nascita di una cellula primordiale è probabile come l'assemblaggio di un aereo supersonico al passaggio di un tornado sopra un capannone contenente le sue parti.

Disporre una epistemologia unificante, adatta a studiare e a descrivere il mondo di mezzo biologico e quindi a spiegare la presenza della vita sulla terra, la sua persistenza, nonostante il secondo principio della termodinamica, la morte biologica e l'evoluzione verso situazioni di maggiore complessità, è stato da sempre il grande sogno di moltissimi fisici teorici e di molti biologi teorici.

Il modello di Kauffman, però, per il momento, almeno secondo i suoi detrattori, non è stato sottoposto a verifiche sperimentali, ma solo a simulazioni al computer, per quanto estremamente accurate.

Kauffman replica affermando che, al contrario, esistono evidenze sperimentali che confermano il suo modello e cita Gunter von Kiedrowski, che nei primi anni '90 dello scorso secolo ha pubblicato un lavoro sull'assemblamento auto-catalitico del DNA, Reza Ghadiri, che ha verificato la costruzione di polipeptidi, sempre grazie a cicli autocatalitici, Cech che è riuscito a far sì che RNA di sintesi, scelti a caso in un insieme di 10^{15} varietà, siano in grado di legare aminoacidi fra loro.

Comunque, una cosa è certa: il riduzionismo ed il determinismo, che da Monod in poi ha dominato le scienze biologiche, non appare adeguato a descrivere l'aspetto forse più peculiare e diffuso di tutti i sistemi complessi dinamici, incluso il mondo di mezzo biologico: la proprietà emergente della auto-organizzazione *on the edge*, nello stato critico tra stato caotico e stato ordinato.

Alla luce di quanto sopra, appare lecito affermare che “il tentativo di ridurre tutte le cose ad alcune leggi fondamentali non autorizza affatto a credere di potere utilizzare queste leggi *top-down*, per ricostruire teoricamente tutto l'Universo partendo da esse”. Queste autorevoli parole del fisico Philip W. Anderson, tratte da un suo celebre articolo apparso su “*Science*” nel 1972 (*More is Different*), costituiscono una sfida al riduzionismo, pur riconosciuto ancora da molti biologi imprescindibile, ed un invito ad andare oltre.

Negli organismi viventi, proprio perché essi esibiscono un regime in equilibrio instabile tra ordine e caos – coincidente con uno stato di ‘criticità auto-organizzata’ – l'auto-organizzazione è più frequente e sembra conferire loro, secondo Per Bak e Kan Chen, una migliore capacità di evolversi.

Un secondo fenomeno emergente, frequente nei sistemi complessi dinamici, è l'adattamento.

Un sistema complesso, nel quale è già emersa l'auto-organizzazione, diventa adattativo, in seguito alla ulteriore emergenza di questa proprietà, quando acquisisce la capacità di adattarsi all'ambiente, modificando il proprio comportamento globale, mediante selezione e ottimizzazione della propria risposta all'ambiente.

L'adattamento, pertanto, è espressione di apprendimento del sistema, attraverso l'interazione con l'ambiente, sempre in stato critico, tra ordine e caos.

La proprietà emergente dell'adattamento mediante apprendimento dei sistemi complessi dinamici si è dimostrata estremamente interessante e feconda di incredibili sviluppi.

Infatti la comunità scientifica, fino a tempi molto recenti, ha considerato l'apprendimento come un processo esperienziale caratteristico ed esclusivo dei sistemi costituiti da una rete di cellule nervose – “neuroni” – o da una rete di strutture artificiali, funzionalmente simili, entro certi limiti, ai neuroni.

Pertanto, sino a non molto tempo fa, tanto nell'ambito delle scienze biologiche quanto nelle discipline scientifiche che si occupano di intelligenza artificiale, gli studiosi hanno comunemente presupposto che l'apprendimento fosse appannaggio esclusivo dei sistemi neuronali delle specie viventi che ne siano dotate, ovvero di sistemi cibernetici in grado di riprodurre alcune funzioni dei sistemi neuronali: le esperienze, comprese le nuove attività, possono influenzare significativamente, sul piano morfologico e/o su quello funzionale, le connessioni tra i neuroni – o le strutture artificiali similari - della rete e quindi, nelle specie viventi superiori, le strutture corticali.

Per contro, le ricerche condotte dalla Scuola di Santa Fe, a partire dagli anni '80 del secolo scorso, hanno rivoluzionato il concetto stesso di apprendimento, estendendo enormemente, al tempo stesso, i suoi campi di pertinenza.

Infatti, secondo Kauffman, qualsiasi sistema complesso dinamico, nello stato critico, può presentare, tra le sue proprietà emergenti, anche quella dell'adattamento tramite apprendimento.

Il sistema-cellula, ovviamente, non fa eccezione. Qualunque cellula vivente non fa eccezione. Di conseguenza, tutte le attività metaboliche cellulari di tutte le cellule possono modificarsi, istante per istante, in conseguenza di influenze ambientali, ossia esterne alla cellula stessa.

E queste influenze ambientali possono estendersi, con modalità *bottom-up*, anche ai meccanismi di trascrizione genica, che coinvolgono il DNA cellulare, nonché a quelli di traduzione, che coinvolgono i vari tipi di RNA, con conseguenti modificazioni di questi meccanismi stessi e dei loro effetti sulla sintesi proteica.

Si è detto in precedenza che i geni vanno modernamente intesi non come rigide unità strutturali – discrete sequenze unidirezionali di basi nucleotidiche, costantemente presenti nel DNA, dotate di una ed una sola base che impone l'inizio della trascrizione e di una ed una sola base che impone la fine della trascrizione - bensì come unità funzionali, dotate di un'esistenza contingente e transitoria, che dipende istante per istante dal mutevole comportamento del sistema complesso dinamico costituito dalle molecole cellulari.

Il moderno concetto di “gene funzionale”, opposto a quello tradizionale di “gene strutturale”, si concilia perfettamente con il concetto di adattamento tramite apprendimento del sistema complesso dinamico della cellula.

Infatti, gli input ambientali *bottom-up*, che dall'ambiente esterno possono estendersi al DNA ed agli RNA cellulari, possono influenzare istante per istante tanto il funzionamento dei meccanismi di trascrizione dell'informazione contenuta nella doppia elica quanto la quantità e la qualità delle proteine che ne derivano.

Tale influenza può, a sua volta, essere appresa, tanto sul piano funzionale quanto su quello morfologico, dal sistema complesso dinamico cellulare, il quale, a sua volta, risponde istante per istante alle esperienze delle modificazioni ambientali con altrettante modificazioni funzionali di tipo adattativo, che, a loro volta, si espletano nel controllo istantaneo di tutto il metabolismo cellulare.

Un terzo fenomeno emergente è stato descritto proprio da Philip Anderson nel già citato lavoro. Egli espone il fenomeno della “rottura della simmetria”, cruciale per comprendere la creatività della vita.

La rottura di simmetria può essere facilmente spiegata ricorrendo a una metafora, utilizzata dal fisico pakistano Abdus Salam.

A tale proposito, s'immagini un tavolo da pranzo rotondo sul quale siano disposti dei piatti da minestra contigui, ciascuno con un cucchiaino alla propria destra.

Questa è una tipica situazione con una perfetta simmetria a 360 gradi. In questa situazione, non ha senso parlare di “destra” e di “sinistra”, riferendosi alla disposizione dei cucchiaini rispetto ai piatti. Infatti, non ha senso logico dire che i cucchiaini si trovino alla destra dei piatti, perché ogni cucchiaino si trova da un lato di un piatto ma anche dal lato opposto dell'altro piatto a lui contiguo.

Un commensale che, per primo, impugni il cucchiaino su un lato del piatto, da lui preferito (in genere, il lato corrispondente alla sua mano destra), di fatto “rompe la simmetria”.

Infatti, da questo momento in poi, ciascuno degli altri commensali potrà distinguere come destra il lato del proprio piatto lungo il quale si trova il proprio cucchiaio – lo stesso lato su cui si trovava il cucchiaio del commensale che per primo ha impugnato il proprio cucchiaio – e come sinistra il lato opposto del proprio piatto.

Possiamo così affermare che la destra e la sinistra “emergono” da una rottura di simmetria del sistema-tavolo.

Questo fenomeno emergente appare peraltro diffuso a diversi livelli di scala, a partire dalle molecole che, in alcuni casi (zuccheri e amminoacidi ad esempio), possono essere distinte in conformazione “destra” (D) e “sinistra” (L, da *lævus*).

Anche gli organismi viventi, pur con ragionevoli eccezioni (Cnidari ed Echinodermi, ad esempio), per colonizzare la terra hanno “rotto” la loro simmetria raggiata (a 360 gradi) per assumerne una bilaterale (a 180 gradi), in cui possiamo distinguere, appunto, un lato destro e uno sinistro.

Nelle scienze della vita i fenomeni emergenti non sono, però, limitati all’auto-organizzazione, all’apprendimento e alle rotture di simmetria, sopra esaminati.

In un recente saggio (*Reinventare il sacro*, 2010), Stuart Kauffman ci ha ricordato che “una delle idee più brillanti di Darwin consiste in quello che oggi noi chiamiamo preadattamento darwiniano”. In breve, non tutti i caratteri che compaiono negli organismi viventi attraverso l’evoluzione per selezione naturale soddisfano immediatamente una determinata esigenza adattativa: alcuni non hanno inizialmente funzioni, mentre altri ne svolgono una, ma la stessa è successivamente ‘cooptata’ per adempierne un’altra.

Si pensi, ad esempio, alle piume degli uccelli, che si sono inizialmente evolute come meccanismo di termoregolazione del corpo, per essere poi cooptate come strumenti per il volo.

Questo fenomeno è ampiamente diffuso e documentato in natura. Le sue funzioni preadattative sono state riscoperte da due grandi biologi evolucionisti, Elisabeth Vrba e Stephen J. Gould, che l'hanno ridefinito 'exattamento' (*exaptation*) e che ne hanno, peraltro, messo in luce il ruolo nel processo evolutivo.

Il preadattamento/exattamento, secondo quanto suggerito da Kauffman, sembra alla base di gran parte dei fenomeni emergenti che costellano l'evoluzione della vita e che non possono essere riducibili/riconducibili a un esclusivo e rigido determinismo, tipico delle altre metodologie scientifiche.

Si viene così a manifestare una caratteristica 'libertà' nell'evoluzione della vita.

Secondo Kauffman i preadattamenti darwiniani si ritrovano, in particolare, in tutti i fenomeni emergenti che sembrano 'trascendere' la natura puramente biologica dell'uomo.

Kauffman indica questo fenomeno con la parola inglese *agency*, da intendersi come "processo agente" che porta all'emergere del "significato", fino a giungere al "valore".

Questa cornice concettuale fornì supporto all'intuizione del paleoantropologo Ian Tattersall, il quale sostiene che il linguaggio simbolico ed il pensiero astratto dell'uomo con tutte le sue manifestazioni (scienza, tecnologia, etica, arte, valori, economia, filosofia, ecc.) possa costituire un esempio di preadattamento/exattamento, come qualità emergente del suo sistema cervello/mente e corpo.

Sappiamo che l'evoluzione della vita, in un'ottica neodarwiniana, può essere spiegata mediante il binomio variazione (casuale) di un carattere (fenotipico) in una popolazione di organismi viventi, che è poi soggetto al vaglio della selezione naturale (necessità).

Ma i preadattamenti/exattamenti ci mettono di fronte a un tipo radicalmente nuovo e imprevedibile di creatività della vita.

Questa particolare proprietà creativa, secondo Kauffman, consente autonomamente e spontaneamente alla vita, a tutti i suoi livelli di complessità, di esplorare sempre nuovi "adiacenti possibili".

L'espressione "adiacente possibile" di Kauffman esprime il concetto secondo il quale l'evoluzione non si può manifestare secondo infinite possibilità: può procedere solo partendo da una realtà già esistente e producendo novità che, comunque, sono "contigue" all'entità da cui sono

Un esempio di esplorazione degli adiacenti possibili ci è fornito da uno dei più grandi antropologi, Claude Lévi-Strauss, recentemente scomparso, nella sua opera *Le strutture elementari della parentela*.

Egli sostiene che la cultura umana sia nata con le prime regole di convivenza, dettate proprio dallo stabilirsi di relazioni tra i membri di un gruppo. Tra queste regole spicca il tabù dell'incesto, al fine di minimizzare la nascita di prole anormale.

La conseguente esogamia, cioè l'accoppiamento al di fuori del ristretto cerchio familiare, ha avuto anche altre importanti conseguenze sul piano biologico e sociale: da un lato ha accresciuto la variabilità genetica della popolazione, che si è tramutata in una più elevata capacità di sopravvivenza; dall'altro, ne ha arricchito la compagine sociale, che ha potuto così evolversi da piccolo gruppo familiare a clan di maggiore estensione e complessità organizzativa.

Il tabù dell'incesto è, nel contempo, un'incredibile ed efficace metafora dei rischi che la nostra società può correre se si chiude in se stessa. A tale proposito, sono illuminanti opere come l'*Edipo Re* di Sofocle, ad esempio, ed anche la conclusione del grande romanzo di Gabriel García Márquez, *Cent'anni di solitudine*.

Tutto lo straordinario succedersi di coraggiose rivoluzioni mancate, vite operose, segnate dalla fortuna o (indistintamente) dalla sfortuna, confluisce in un destino segnato dalla solitudine: la nascita di un bambino con la coda di maiale, frutto dell'incesto fra i due protagonisti, che le formiche portano via, mentre la città di Macondo si distrugge, per aumento della sua entropia interna, potremmo dire.

Come non cogliere in questo tragico finale l'immagine trasfigurata della storia umana, "effimera e sventurata", secondo le parole di Nietzsche, che, per aver violato il tabù dell'incesto, si preclude la possibilità di formare legami con altri popoli e altre culture e quindi di sopravvivere?

Ha indubbiamente ragione Stephen J. Gould quando afferma che "la variazione (diversità), frutto della capacità di formare legami, è la materia prima di qualsiasi progresso biologico e culturale".

Pertanto, in una società come la attuale, in cui riemergono tentazioni falsamente identitarie e si erigono nuove barriere, il rischio è quello di incorrere in forme di "incesto collettivo". Infatti, solo l'accettazione della diversità può salvare (paradossalmente) la nostra identità e fornirci una consapevolezza e una saggezza che hanno nella capacità di formare nuovi e imprevedibili *links* la loro vera fonte di creatività, aprendoci così a un futuro possibile.

Il passo di Márquez ci fa capire che anche la letteratura o, più in generale, il linguaggio, in cui l'arte combinatoria di simboli e parole si esprime a livelli creativi unici, può svelarci profondi significati.

Analogamente, la musica e la pittura sono le attività artistiche che forse più si avvicinano al binomio complessità-emergenza. Prendiamo ad esempio un quadro, in cui le singole pennellate (le parti) non hanno alcuna proprietà.

Ma qualcosa improvvisamente accade a livello dell'intera opera: forma, bellezza e significato emergono quasi d'incanto quando la stessa è portata a termine.

Un notevole esempio ci è offerto da un quadro di Alighiero Boetti, un artista, prematuramente scomparso, che fece parte del movimento denominato "arte povera".

Il titolo dell'opera è *Avere fame di vento*. L'autore combina elementi semantici differenti (lettere, forme, colori), che derivano da campi diversi, ma che si integrano fino a far emergere qualcosa che le singole parti – i singoli abitanti del mondo di mezzo - non possono esprimere: un arazzo.

D'altra parte, questa modalità creativa sembra essere anche quella praticata dai poeti se, come scrisse Thomas S. Eliot, "la mente del poeta è un ricettacolo che coglie e immagazzina infiniti sentimenti, frasi immaginarie che rimangono lì fino a quando le particelle, che possono unirsi per creare un nuovo composto, sono presenti nello stesso momento".

Forse dovremmo cercare di essere anche un po' poeti, quando parliamo scientificamente di vita, perché, come scrisse il fisico Robert Laughlin, nel suo libro del 2005 *A Different Universe: Reinventing Physics from the Bottom Down*, "se un semplice fenomeno fisico può acquistare indipendenza rispetto alle leggi essenziali che originariamente lo controllavano, la cosa vale anche per noi: siamo fatti di carbonio, ma non siamo solo molecole fatte di carbonio. Il senso di ciò che siamo, infatti, trascende le molecole (gli abitanti del mondo di mezzo) che si agitano dentro di noi".

Tremestieri Etneo, 8 giugno 2020