

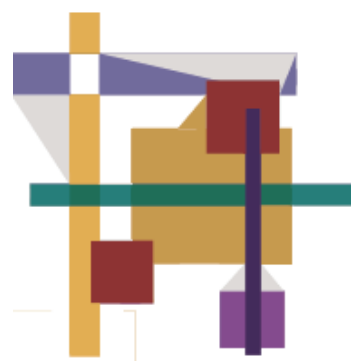
NOTIZIE DI FILOSOFIA

EVENTI CULTURALI - LABORATORIO DI IDEE

Humana.Mente

Il Pensario della Biblioteca Filosofica

NOTIZIARIO TRIMESTRALE — N° 6, LUGLIO 2008



Filosofia e scienze del vivente Prospettive storiche e teoriche

A CURA DI DANIELE ROMANO E GUIDO CANIGLIA

RIVISTA DI STUDI FILOSOFICI

ISSN: 1972-1293



Biblioteca Filosofica © 2007 - Humana.mente,
Periodico trimestrale di Filosofia, edito dalla Biblioteca Filosofica -
Sezione Fiorentina della Società Filosofica Italiana,
con sede in via del Parione 7, 50123 Firenze
(c/o la Facoltà di Scienze della Formazione dell'Università degli Studi di Firenze) -
Pubblicazione regolarmente iscritta al Registro Stampa Periodica del Tribunale di Firenze
con numero 5585 dal 18/6/2007.

REDAZIONE - Via del Parione 7, Firenze, presso Biblioteca Filosofica - Facoltà di Scienze della
Formazione, Università degli Studi di Firenze

- ◆ **Direttore editoriale: Alberto Peruzzi**
- ◆ **Direttore responsabile: Duccio Manetti**
- ◆ **Vice-direttore: Silvano Zipoli**
- ◆ **Supervisore scientifico: Marco Salucci**

Redattori e Area di Ricerca:

Scilla Bellucci - Filosofia del Linguaggio / Antropologia Filosofica
Laura Beritelli - Filosofia del Linguaggio / Ermeneutica Filosofica
Alberto Binazzi - Filosofia della Mente / Scienze Cognitive
Matteo Borri - Filosofia e Storia della Scienza
Giovanni Casini - Filosofia della Scienza / Logica
Roberto Ciuni — Ontologia/Logica
Chiara Erbosi - Bioetica / Filosofia della Mente
Marco Fenici – Logica/ Scienze Cognitive
Riccardo Furi - Filosofia della Mente
Tommaso Geri - Filosofia del Linguaggio / Ermeneutica Filosofica
Matteo Leoni - Antropologia Filosofica
Stefano Liccioli - Filosofia Morale
Umberto Maionchi - Filosofia della Scienza / Logica / Filosofia del Linguaggio
Francesco Mariotti - Storia e Filosofia delle Neuroscienze / Filosofia della Mente
Giovanni Pancani - Filosofia Politica / Antropologia Filosofica
Daniele Romano - Filosofia e Storia della Scienza
Silvano Zipoli - Filosofia e Storia della Scienza
Segretario di Redazione: Matteo Leoni

I contenuti di Humana.mente sono sottoposti a *refereeing*

Il comitato scientifico della rivista è composto dai membri del Consiglio Direttivo
della Biblioteca Filosofica.

Progetto Grafico: Duccio Manetti
Sito web: www.humana-mente.it
La struttura del sito è realizzata da
Emiliano Mazzetti e Simone Gallorini
Per informazioni e collaborazioni:
redazione@humana-mente.it

Humana.Mente, sesto numero – Luglio 2008

INDICE		p. I
EDITORIALE	Filosofia e scienze del vivente. Prospettive storiche e teoriche	p. III
RUBRICA	Filosoficamente scorretto - Sesta puntata: Pensiero e linguaggio: la scomparsa del congiuntivo	p. V
CONFERENZA	Psicologia del senso comune, empatia e neuroni specchio	p. VII
PAPERS		
	<i>Ridurre il riduzionismo genetico,</i> di Gereon Wolters	p. 1
	<i>Oltre la "Sintesi Moderna": la soluzione delle antinomie della Biologia del Ventesimo secolo,</i> di Marcello Buiatti	p. 15
	<i>Paradigma genetico ed epigenetico a confronto,</i> di Franco Giorgi	p. 37
	<i>Uomo e insetto, due specie a confronto. Le tappe bio-genetiche di un'unica evoluzione,</i> di Riccardo Furi, Maria Giulia Fiore	p. 55
	<i>La spiegazione scientifica in ambito biologico,</i> di Daniele Romano	p. 75
	<i>Organismi esemplari,</i> di Guido Caniglia	p. 101
	<i>Alcune riflessioni attorno alla dimensione sociale e politica delle scienze del vivente,</i> di Flavio D'Abramo	p. 129
RECENSIONI		
	<i>Komplexitaeten. Warum wir erst anfangen die Welt zu verstehen,</i> di Sandra Mitchell	p. 141
	<i>Dal moscerino all'uomo. Una stretta parentela,</i> di E. Boncinelli e C. Tonelli	p. 145
	<i>Individuo e persona. Tre saggi su chi siamo,</i> di G. Boniolo, G. De Anna, U. Vincenti	p. 147
	<i>L'evoluzione in quattro dimensioni. Variazione genetica, epigenetica, comportamentale e simbolica nella storia della vita,</i> di E. Jablonka, M. J. Lamb	p. 153
	<i>Una lunga pazienza cieca. Storia dell'evoluzionismo,</i> di Giulio Barsanti	p. 157
	<i>La libertà umana. Il ruolo della mente nella creazione del mondo,</i> di Giovanni Azzone	p. 161
	<i>Il benevolo disordine della vita. la diversità dei viventi tra scienza e società,</i> di Marcello Buiatti	p. 165
	<i>Biologia, storia e concetti,</i> di Ariane Dröscher	p. 169
	<i>Forme del divenire. Evo-devo: la biologia evoluzionistica dello sviluppo,</i> di Alessandro Minelli	p. 173
	<i>Gli inizi della genetica in italia,</i> di Alessandro Volpone	p. 177
	<i>Darwinian Reductionism. Or, How to Stop Worrying and Love Molecular Biology,</i> di Alex Rosenberg	p. 179
	<i>Science without laws,</i> di Angela N. H. Creager, Elizabeth Lunbeck e M. Norton Wise	p. 183
RILETTURE		
	<i>Il gene egoista,</i> di Richard Dawkins	p. 187

INTERVISTE	<i>DNA. Il segreto della vita</i> , di James Watson, Andrew Berry	p. 193
	<i>Il caso e la necessità</i> , di Jacques Monod	p. 199
	<i>Il secolo del gene</i> , di Evelyn Fox Keller	p. 203
	<i>Il Fenomeno umano</i> , di Teilhard De Chardin	p. 207
	<i>The Garden in the Machine. The emerging Science of Artificial life</i> , di Claus Emmeche	p. 211
	<i>Intervista a TELMO PIEVANI</i>	p. 217
	<i>Intervista a Elena Gagliasso</i>	p. 225

Editoriale

Filosofia e scienze del vivente

Prospettive storiche e teoriche

Dalla proteomica alla post-genomica, dalla paleontologia alla biologia evuzionistica dello sviluppo, dalla genetica di popolazioni alla nuova sistematica, le discipline che si occupano del mondo vivente danno forma e vita a un panorama di studi sempre più complesso e variegato. Lungi dal proporre una interpretazione a posteriori dei successi scientifici, la filosofia della biologia può essere l'interprete attivo di un cammino che quotidianamente si sviluppa fra innovazioni, rivoluzioni e ripensamenti, che investono le scienze della vita ed il nostro modo di approcciarci al mondo che ci circonda.

All'insegna di un atteggiamento pluralistico, il lavoro filosofico può aiutare a chiarire le caratteristiche delle diverse teorie che si occupano del vivente, controllandole attraverso nozioni più classiche quali quelle di spiegazione, legge, unificazione, o riduzione, confrontandole trasversalmente perché si mostrino sempre nella loro completezza, recuperando quei principi filosofici da sempre irrinunciabili, perché la pratica scientifica non si allontani mai dalle proprie implicazioni epistemologiche, gnoseologiche ed etiche. È con questo spirito che il sesto numero di *Humana-Mente Filosofia e scienze del vivente. Prospettive storiche e teoriche* è stato pensato, strutturato e organizzato.

Tre sono le anime di questo numero. Anime che non possono convivere l'una senza l'altra, e che anzi necessitano in maniera essenziale l'una dell'altra: la riflessione teorica di stampo epistemologico, il lavoro di tipo storico e la riflessione di chi, pur facendo scienza, ritiene necessario ripensare il proprio lavoro alla luce di interrogativi filosofici.

Gli interrogativi epistemologici che ne forniscono le essenziali linee guida e che sono stati affrontati nei diversi ambiti di discorso riguardano: il carattere dei modelli esplicativi utilizzati; le particolari modalità di spiegazione e giustificazione che sottendono al lavoro sperimentale; i modi in cui si configurano i meccanismi di scoperta; i metodi di valutazione, locali o globali che essi siano; il rapporto tra spiegazione e causazione; il significato e il ruolo delle metafore; le relazioni che legano le diverse discipline; il rapporto tra le scienze del vivente e le discipline fisiche e matematiche; il problema dei limiti posti ai vari tentativi di riduzione delle scienze della vita alle scienze fisiche della natura; la nozione di oggettività che emerge nelle discipline biologiche; il ruolo assegnato alle leggi matematiche e quello che hanno invece i concetti; la possibilità di condurre analisi epistemologiche del livello pre-teorico della scienza; dalle difficoltà poste dalla storicità e dalla temporalità che caratterizzano il mondo del vivente ai tentativi di spiegarlo.

Nonostante siano state riflessioni e problemi di stampo teorico ed epistemologico a motivare la necessità di un numero che avesse per oggetto lo stato dell'arte della riflessione epistemologica all'interno delle scienze del vivente, si è ritenuto utile e necessario affiancare a questo ordine di discorso contributi dal carattere più specificamente storico. Questo consente agli argomenti trattati di assumere maggiore nitidezza concettuale e una articolazione che rispecchi più fedelmente la complessità, non solo teorica, cui va incontro chi si pone l'obiettivo di comprendere i numerosi e diversi fenomeni che popolano il mondo vivente.



La voce di chi fa scienza, infine, ha contribuito ad arricchire il ventaglio di riflessioni che abbiamo voluto offrire all'attenzione dei lettori di *Humana-Mente* con la pubblicazione di questo numero. Ci è sembrato essenziale, infatti, che particolare risalto fosse dato a chi, in diversi ambiti e contesti, fa lavoro scientifico. In questo modo abbiamo potuto fornire uno spaccato, sicuramente non esaustivo, che riuscisse però a riflettere la necessità, sentita da più parti come un'esigenza, di ragionare dialogicamente e a più voci sullo stato attuale di metodi, percorsi, obiettivi e risultati delle scienze del vivente.

Queste sono le riflessioni che tagliano trasversalmente contributi, recensioni, interviste e riletture che compaiono in questo numero. Più che la pretesa di aver fornito un quadro esaustivo e completo dell'attuale discussione epistemologica in materia di scienze del vivente, impresa comunque di non facile realizzazione, speriamo di aver fornito quantomeno uno spaccato della complessità che tale ambito di riflessione presenta.

Daniele Romano
Guido Caniglia

Filosoficamente scorretto

Pensiero e linguaggio: la scomparsa del congiuntivo

La nostra rivista si occupa in modo particolare di filosofia della mente e del linguaggio, in una prospettiva genericamente analitica. Ragion per cui sul tema dei rapporti tra pensiero e linguaggio ci consideriamo naturalmente sensibili.

Il fenomeno cui vogliamo accennare in questa breve riflessione è squisitamente linguistico e forse sarà passato inosservato alla maggioranza degli italofoeni: la scomparsa, nella lingua parlata e in quella scritta, del famoso *congiuntivo*.

Molti non si saranno neppure accorti di questa amputazione del nostro patrimonio linguistico, preoccupati come sono di esprimere nel modo più conciso concetti elementari nei loro sms telefonici. Tra l'altro l'entusiasmo che suscita presso noti linguisti e psicologi del linguaggio il gergo giovanile del cellulare, devo proprio dire, mi spaventa un po'! Non mi pare un buon segno la povertà concettuale e descrittiva, tipica di quell'idioma gergale!

Comunque sia il congiuntivo è morto; e, a quanto pare, la notizia è stata data ad esequie avvenute (come si fa con qualche lontano parente, per qualche ragione, un po' imbarazzante). Evidentemente viveva ormai in completa solitudine, forse visitato ogni tanto da qualche vecchio cultore appassionato o antiquario professionista!

Mi piace pensarlo anche come quelle vecchie decorazioni del nonno, che aveva combattuto valorosamente sul Piave. Il muto testimone di una gloria passata, ormai affettuosamente conservato ma senza valore corrente, non più spendibile e da mostrare solo in rare occasioni!

Purtroppo il *congiuntivo* non era solo un "modo" del verbo, come si definisce nelle grammatiche, una forma sofisticata del verbo. Aveva ed ha una funzione molto più importante, un ruolo centrale nella lingua: quello di permetterci di formulare *ipotesi*, di dar forma linguistica alla *immaginazione*, alla *fantasia*, alla *creatività*.

La letteratura, tutta la letteratura, ha un debito immenso col congiuntivo: come si potrebbe inventare una fiaba, un racconto, un romanzo, una poesia se non avessimo a disposizione una forma che ci consente di tradurre, anzi prima ancora, che ci rende pensabile una situazione ipotetica e la trasforma in immagini riproducibili linguisticamente?

E la scienza, tutta la pratica scientifica, dagli aspetti teoretici a quelli sperimentali, non fa un uso quotidiano del congiuntivo nel formulare le sue ipotesi, le sue congetture? E con l'aiuto del condizionale progetta verifiche e fa previsioni? Gran parte delle attività superiori degli uomini si fondano sulla capacità prettamente umana di costruire rappresentazioni distinte della realtà, di immaginare altri mondi, di fare ipotesi anche paradossali e di trarne catene di conseguenze: la fantascienza ne è il dominio più caratteristico e più vicino.

Purtroppo, chiudo con una nota polemica, tutte le ultime parole d'ordine relative alla cultura e alla sua trasmissione nella scuola non hanno fatto altro che insistere sulla utilità del sapere, sulla sua rapida spendibilità sociale, sul valore autentico di una cultura concreta, senza fronzoli e svolazzi! E siccome non il pensiero scientifico ma la pratica tecnologica e la competenza tecnica sono considerate preziose in una società dei consumi (dove gli individui non devono



pensare troppo ma consumare con "competenza"), imparare e usare il congiuntivo diventa proprio un inutile lusso, tempo sprecato.

A noi ci basta e avanza l'*indicativo*, il modo della realtà concreta, il modo descrittivo, semplice, immediato. Per comprendere un manuale di istruzioni non c'è bisogno di troppa teoria: a pensare e fare ipotesi, a fare progetti per noi ci stanno pensando già altri, gli "specialisti" - tutta fatica risparmiata ! Dovremmo perfino ringraziarli!

Umberto Maionchi

Conferenze

Psicologia del senso comune, empatia e neuroni specchio

Per il ciclo EPISTEMOLOGICA, GIORNATA DI STUDI

Dipartimento di Filosofia di Firenze

11 Giugno 2008

Relatori: Paolo Parrini (Università di Firenze), Roberta Lanfredini (Università di Firenze), Carlo Gabbani (Università di Firenze), Vittorio Gallese (Università di Parma), Vincenzo Costa (Università del Molise), Corrado Sinigaglia (Università di Milano).



La scoperta dei neuroni specchio, ha ricordato **Paolo Parrini** in apertura dei lavori, è una di quelle scoperte scientifiche che hanno avuto il merito di mantenere vivo e fecondo il rapporto di scambio di idee tra scienza e filosofia. Ricordando una citazione del fisico e fisiologo Von Helmholtz, Parrini ha messo in luce come l'importante scoperta ad opera del neuroscienziato italiano Giacomo Rizzolatti e del suo team di collaboratori presso l'Università di Parma, rappresenti la prova contemporanea che muovendosi all'interno di una cornice epistemologica che ha ormai superato il fondazionalismo, "si può arrivare alla filosofia spingendo l'analisi dei problemi scientifici sufficientemente a fondo".

Roberta Lanfredini ha individuato nei concetti di 'mente', 'corpo' e 'carne' le tre dimensioni fondamentali della soggettività. Tali coordinate concettuali individuano, in modo naturale, tre filosofi imprescindibili per la comprensione del dibattito contemporaneo su mente e soggettività: Cartesio, Husserl e Merleau Ponty.

Il problema del 'sentire', precisa Lanfredini, è un tema che, se pur con importanti differenze, i tre filosofi ricordati hanno indagato a fondo e le cui eco contemporanee si possono rintracciare nel problema del rapporto tra contenuto intuitivo e concettuale degli enunciati osservativi in filosofia del linguaggio (McDowell, Peacocke, Evans) e nel dibattito sui 'qualia' in filosofia della mente.

Cartesio giunge alla mente attraverso il dubbio: pur ammettendo la totale inaffidabilità dei sensi, per definizione, ambigui e forvianti, il filosofo ammette nelle *Meditazioni metafisiche* che non si può dubitare dell'esistenza immanente, indubitabilità normativa che prescinde dalla psicologia umana. Allo stesso tempo, Cartesio, interrogandosi sulla natura dell'io, prenderà le distanze dal corpo: se, infatti, il tema del sentire è connesso fortemente al tema del pensare, la



metafisica cartesiana, precisa Lanfredini, non arriverà mai a concepire un sentire puro, “un sentire di sentire” ma, casomai, “un pensare di sentire”. Il sentire cartesiano è sempre schermato dall’intelletto, e il filosofo francese finirà per “espellere” il tema del sentire in quanto esercitabile esclusivamente attraverso la mediazione del corpo: insomma, sostiene Lanfredini, la metafisica cartesiana si è fermata alla mente. Non così Husserl, che, invece, attraverso lo strumento della riduzione fenomenologica, recupera la dimensione della corporeità, dimensione costitutiva dell’atto cognitivo e conoscitivo. Si passa così, afferma Lanfredini, dalla *res cogitans* cartesiana, disincarnata e astratta, all’ego trascendentale husserliano, che individuerà nell’intenzionalità -lancio direzionale, prospettico, indipendente dall’esistenza dell’oggetto - l’elemento costitutivo del soggetto conoscente. In Husserl “filosofo della trascendenza”, le componenti cinestesiche, sensoriali, percettive rendono possibile la mente stessa, e, ricorda Lanfredini, “l’opacità stessa degli oggetti è legata in modo permanente alla corporeità”. Per Husserl, il corpo cinestetico è un organo percettivo, è un corpo “di cui è possibile liberamente disporre”, è il corpo di un soggetto mobile, che organizza, per mezzo di esso, la propria esperienza cosciente. In Husserl, sebbene si superi l’idea kantiana dell’a-priori e si recuperi la dimensione corporea della soggettività, il corpo è, tuttavia, ancora concepito come “schema corporeo geometrico” anch’esso disincarnato, astratto. Secondo Lanfredini, allora, non si può parlare in Husserl di un sentire, ma, semmai, di un “riflettere sul sentire” e, per questo, la metafisica husserliana si arresta alla dimensione del corpo.

Non allo stesso modo procede Merleau Ponty, attraverso il quale “si arriva alla carne”, afferma Lanfredini: si supera lo schermo offerto dallo strumento della riflessione filosofica, colpevole di allontanarci dall’oggetto originario, per approdare alla dimensione del soggetto incarnato, al completo superamento della divisione tra soggetto e oggetto. Con Merleau Ponty, la riflessione filosofica si sofferma sul *chiasma* tra corpo e mondo, sulla capacità di “aprirsi al mondo, abitando la nostra soggettività, come se l’intenzione dell’altro abitasse il nostro corpo”. La riflessione filosofica di Merleau Ponty, nella quale, secondo Lanfredini, è possibile rintracciare elementi di affinità con il pensiero di Kuhn, Preti, Polanyi, Varela e James, si spinge, paradossalmente, verso “un atteggiamento anti-introspeztivo”, che conduce il filosofo, per mezzo della sua teoria dell’empatia, al definitivo superamento del solipsismo cartesiano e husserliano.

Vittorio Gallese ha analizzato il rapporto tra “simulazione incarnata e il suo ruolo nell’intersoggettività”.

La scoperta dei neuroni specchio, come ricordato da Parrini in apertura, ha stimolato importanti questioni filosofiche in parte inattese dalle neuroscienze, e ha agevolato la collaborazione tra studiosi appartenenti a settori disciplinari apparentemente lontani. Lo studioso del cervello umano e animale si trova, così, nella difficile condizione di dover dare risposta a domande complesse e filosoficamente stimolanti: “Come costruiamo l’evidenza del mondo degli altri? Come descrivere scientificamente la dimensione della soggettività?”

Un problema spinoso delle scienze cognitive classiche, ricorda Gallese, è quello costituito dal concetto di ‘rappresentazione’: l’approccio cognitivista classico e il paradigma funzionalista in filosofia della mente, pur avendo contribuito a superare lo scoglio comportamentista e a



recuperare l'adeguatezza del vocabolario mentalistico come oggetto di indagine scientifica e filosofica, si trova, oggi, a doversi confrontare con un approccio più 'incarnato' allo studio della mente, che privilegia l'analisi del rapporto tra psicologia e biologia umana. Per questo, afferma Gallese, "occorre spogliare la nozione di rappresentazione dal linguaggio ordinario e fonderla con la nostra corporeità", realizzando quello che il neuroscienziato ha definito come l'ancoraggio *organico* del concetto di rappresentazione *nel* cervello.

La capacità di mentalizzazione (mentalizing) - facoltà di attribuire stati mentali a sé e agli altri - viene spiegata dagli psicologi attraverso il ricorso a cinque teorie principali: la psicologia del senso comune (folk/ commonsense psychology) la teoria della mente (TOM) la teoria della simulazione, la teoria del piccolo scienziato e la teoria della teoria innatista-modularista. Tali teorie, precisa Gallese, sono, pur con le dovute differenze, dirette varianti del cognitivismo classico e, qualunque sia il livello descrittivo, precisa il neuroscienziato, esistono alcuni rischi relativi allo studio scientifico della capacità di mentalizzazione: la fallacia mereologica (l'attribuzione ai neuroni, di proprietà qualitativamente differenti dal livello neurologico) il mero uso correlativo delle tecniche di neuroimaging e il rischio, sempre presente, di ricadere nell'atteggiamento solipsistico dell'approccio standard del cognitivismo classico.

Sebbene esistano evidenze neuroscientifiche sulla localizzazione di un ipotetico modulo della teoria della mente (porzioni mediali e orbito-frontali della corteccia prefrontale) è legittimo, secondo Gallese, dubitare della validità di tali studi; infatti, la mentalizzazione non è una proprietà riducibile alla "qualità subpersonale dei neuroni": essi non sono agenti epistemici e non hanno un rapporto diretto con il mondo, se non in termini di concentrazioni saline, precisa Gallese. Tale posizione, se interpretata radicalmente, induce a considerare i neuroni come né necessari, né sufficienti per "produrre la capacità di mentalizzazione". L'approccio corretto, secondo Gallese, è quello che concepisce l'individuo come unità indivisibile corpo-mente-mondo, e che "naturalizza i contenuti non proposizionali dell'intelligenza sociale". Anche se i nostri neuroni non possono essere considerati soggetti epistemici, la ricerca neuroscientifica è concorde nell'attribuire a una ben determinata classe di neuroni della corteccia premotoria umana (neuroni specchio) alcune proprietà ritenute fondamentali per lo sviluppo di una mente sociale. Tali ricerche hanno contribuito a ripensare le tradizionali funzioni del sistema motorio umano, considerandolo non più come "mero esecutore passivo di comandi originati da altri centri specializzati", ma come concreto effetto di processi di ordine superiore come la percezione e il riconoscimento di atti altrui, l'imitazione e la decodifica di forme di comunicazione gestuali e vocali. I circuiti specchio, precisa Gallese, sono già presenti nell'uomo all'età di quattro mesi, e i recenti dati sperimentali inducono a considerare come innata l'attivazione neurale "dell'omuncolo premotorio" umano.

Secondo Gallese, ciò che chiamiamo empatia non è altro che "l'assimilazione, via attivazione della simulazione incarnata dei neuroni specchio, del mondo sub-personale dell'altro". È interessante notare, osserva Gallese, che se è fondamentale osservare l'altro per comprenderlo per mezzo della comprensione motoria (motor cognition), si ha attivazione motoria anche attraverso la descrizione verbale delle azioni o degli atti motori. L'empatia, allora, non è altro che un meccanismo di risonanza visuo-motorio che si attiva automaticamente in ben determinati contesti interazionali: "Studi recenti, afferma Gallese, dimostrano l'esistenza di una significativa correlazione tra il grado di empatia e l'attivazione



inconscia dei muscoli oro-facciali”. Si può parlare, allora, di una vero e proprio *ingresso* nel mondo rappresentazionale dell’altro attraverso l’attivazione automatica e pre-riflessiva di “sistemi di mappatura sensoriale, percettiva e motoria interna”. È lecito considerare, osserva Gallese, tali sistemi come “concreti effettori di un sistema della molteplicità interna, un sistema ‘noi-centrico’ condiviso”. Il termine ‘specchio’, precisa Gallese, deve essere considerato, però, solo come rivelatore di un’efficace metafora: a causa di determinati meccanismi inibitori, non si assiste a una effettiva imitazione ecoprassica dell’altro, ma a una simulazione, che ha, prima di tutto, un significato ‘neurale’ relativo al mondo sensoriale del soggetto”. Secondo l’approccio “neurocognitivo”, afferma Gallese, alcune patologie psichiche della sfera sociale, come l’autismo, non sono causate da un deficit di teoria, quanto, piuttosto, dal malfunzionamento di determinati sistemi neurali. L’approccio neurocognitivo, conclude Gallese, induce a considerare la comprensione riflessiva non necessaria per entrare in risonanza con l’altro: wittgensteinianamente, si potrebbe pensare che fare esperienza del dolore dell’altro passi attraverso la simulazione del *proprio* dolore, e questo, non per mezzo di ragionamenti controfattuali o formati proposizionali ricorsivi, ma grazie all’attivazione automatica e innata di schemi neurali altamente selettivi.

Vincenzo Costa ha articolato il suo intervento all’interno di una cornice fenomenologica dell’empatia, privilegiando un approccio “fenomenologico dei neuroni specchio”. Secondo Costa, è utile tenere ben distinti due livelli di analisi: il livello fenomenologico e il livello neurofisiologico. Compito del filosofo è rispondere a due domande fondamentali: Che cosa è caratteristico del “fare esperienza dell’altro”? Cosa, effettivamente, *interpretiamo* dell’esperienza dell’altro? Occorre, precisa Costa, mantenere le dovute distanze da un approccio esclusivamente “naturalizzante” ai fenomeni dell’intersoggettività e mettere in primo piano, invece, l’indagine fenomenologica, specifica del lavoro del filosofo. La filosofia dell’empatia, infatti, si occupa principalmente della chiarificazione concettuale del termine ‘empatia’, distinguendolo da altre modalità di interazione psicologica con l’altro. Ciò che è fondamentale, secondo Costa, è distinguere tra ‘comprendere’ e ‘sentire’, e affermare il primato dell’esperienza per la percezione dell’intersoggettività. Se, infatti, ad un primo sguardo sembra lecito considerare i neuroni specchio come “il luogo dove negoziare l’esperienza con l’altro”, dall’altro, osserva Costa, esistono alcuni esperimenti che dimostrano come questa classe di neuroni si attivi anche quando il soggetto osserva atti motori eseguiti da un braccio meccanico. Che tipo di esperienza dell’altro si tratta in questo caso? In che senso, qui, è possibile parlare di *comprensione* dell’altro (un robot)? Il dato neurofisiologico, sostiene Costa, in questo caso, non ha molto da dire sul tipo di esperienza fenomenologica del soggetto conoscente, dato che *non* distingue tra atti intenzionali e artificiali. L’aspetto fenomenologicamente interessante, come Husserl ci ha indicato, osserva Costa, sta nella dimensione spazio-temporale della coscienza: l’altro occupa uno spazio ‘altro’ da me, e, per questo, intercetta, esperisce un mondo differente dal mio. Per Husserl, si ha attribuzione di una mente (propria e altrui) attraverso la mediazione del corpo e, solo attraverso la ‘sintesi passiva’, è possibile esperire un ego. Secondo Costa, per quanto riguarda l’attivazione dei neuroni specchio, è la funzione degli oggetti ad essere fondamentale per la comprensione



dell'atto intenzionale e non la simulazione motoria, che di per sé non è indice di autentica comprensione. Inoltre, secondo Costa, “né la socialità, né il noi generano la relazione io-tu”: anche ammettendo la possibilità di una lettura neuropsicologica dell'intenzionalità, solo a condizione di “un'abitudine appercettiva” da parte del soggetto, occorre distinguere tra intenzionalità e alterità, dimensione quest'ultima, sostiene Costa, ‘originale’, trascendente, non naturalizzabile. La ricerca fenomenologica della genesi del rapporto collettivo io-noi, procede diversamente dalla ricerca scientifica: il neurofisiologo procede allargando la conoscenza di un dato fenomeno, trasformando, così, l'ignoto in noto, mentre il fenomenologo si muove all'interno della dialettica “chiaro-scuro”, privilegiando l'indagine chiarificatrice del fenomeno indagato.

Corrado Sinigaglia ha indagato i rapporti tra intenzionalità motoria e comprensione enattiva (enactive understanding). Recenti risultati sperimentali inducono ad accordare un ruolo privilegiato all'azione per la comprensione dei processi cognitivi umani. Nuove scoperte sulle funzioni dell'area F4 umana, ricorda Sinigaglia, dimostrano “come sia un errore categoriale considerare come ‘mirror’ tutti i neuroni dell'area F4”. Sebbene i neuroni specchio umani assolvano una molteplicità di funzioni più ampia di quella osservata nelle scimmie, precisa Sinigaglia, l'aspetto primario di questi neuroni risiede nella capacità di decifrare il significato degli eventi motori osservati, comprendendoli attraverso un vocabolario d'atti motori. Questa capacità, innata e preriflessiva, è la prova, secondo Sinigaglia, che “l'osservazione e l'azione sono delle vere e proprie estensioni della capacità di comprendere”: l'attività di questa classe di neuroni rende possibile la condivisione, tra gli esseri umani, di un patrimonio motorio comune, “una vera e propria collezione di abiti motori che modulano la nostra capacità di comprendere”. Tali neuroni, che scaricano in funzione di specifici “goals motori”, indipendentemente dalla diversità dei movimenti eseguiti, sembrano mappare una vera e propria architettura di scopi, una combinatoria di atti *in-tenzionali*. Sinigaglia ha ricordato come l'atto dell'osservare sia un atto potenziale, causato dalla capacità, da parte dei neuroni specchio, di integrare le informazioni di tipo sensoriale, percettivo e motorio, determinando, così, uno spazio d'azione condiviso, necessario per la comprensione dell'esperienza dell'altro. In risposta all'osservazione di Costa sul ruolo della funzione degli oggetti per la genesi della “comprensione della esperienza dell'altro”, Sinigaglia osserva che il contesto e la funzione non sono né necessari né sufficienti per la codifica dell'azione e dell'intenzionalità, in quanto, piuttosto, “è a livello motorio che si ha effettivamente comprensione”. Si tratta, appunto, di una comprensione incarnata, senza una ‘deliberata operazione conoscitiva’ e, in tale accezione, non sono gli oggetti ad essere la fonte della comprensione, quanto, piuttosto, il corpo attraverso le sue melodie cinetiche, in grado di rappresentare una vera e propria architettura di scopi. I neuroni specchio, infatti, non solo codificano l'atto osservato, ma anche l'intenzione con cui esso è compiuto, attraverso la simulazione motoria anticipata dei possibili esiti dell'azione. L'attività dei neuroni specchio non è vincolata da uno specifico input sensoriale, bensì, appunto, dal vocabolario d'atti in grado di implementare le azioni potenziali. Secondo la prospettiva della comprensione enattiva, il significato delle azioni altrui non passa attraverso processi *intellettivi* da un punto di vista particolare o privilegiato, ma dipende dal



patrimonio motorio condiviso, vero e proprio luogo precategoriale, che fonda, così, il senso stesso di qualsiasi oggettualità.

Carlo Gabbani ha messo in luce l'importanza del valore epistemico della psicologia del senso comune (folk/common sense psychology) per una proficua indagine dei processi mentali umani. Con il termine 'psicologia del senso comune' si intende, tradizionalmente, la teoria della mente che spiega il comportamento intenzionale facendo riferimento a desideri e credenze del soggetto (stati mentali, non necessariamente in forma di enunciati). I sostenitori della psicologia del senso comune, inoltre, nell'indagare e spiegare i fenomeni mentali, ricorrono liberamente a termini del linguaggio ordinario, come 'credenza', 'desiderio', 'paura', 'intenzione' ecc. Gli oppositori della psicologia del senso comune, invece, tra cui il filosofo Steven Stich, ritengono, all'interno di una cornice eliminativistica, l'inadeguatezza metodologica dei termini del linguaggio ordinario per una corretta analisi dei fenomeni mentali.

Muovendo da queste premesse, gli eliminativisti -si pensi ai Churchland- arrivano ad affermare che i termini del linguaggio ordinario (credenze e desideri) non fanno *realmente* parte di un'ontologia scientifica adeguata per la comprensione della mente umana, e che occorre rigettare il "livello psicologico in favore di quello neurocomputazionale". Gabbani osserva che all'interno del dibattito contemporaneo sulla capacità di mentalizzazione, esistono teorie, come la teoria della simulazione di Robert Gordon, che fanno a meno di contenuti proposizionali, e, che, se tali teorie fossero corrette, allora, le obiezioni di Stich sarebbero obiezioni nei confronti di un'ontologia inesistente (come messo in luce dal filosofo David Lewis, se la psicologia ingenua fosse falsa, allora i termini di questa teoria sarebbero privi di denotazione).

Ricordando la distinzione del filosofo Sellars tra immagine manifesta e scientifica dei fenomeni mentali, Gabbani ha messo in luce come la psicologia del senso comune sia completamente immersa in stati teorici non osservabili. Se cadesse la psicologia del senso comune, precisa Gabbani, allora, verrebbe a mancare anche il compito da parte dell'indagine epistemologica di articolare una teoria normativa della formazione delle nostre credenze razionali. Occorre, sostiene Gabbani, distinguere tra un senso interno e un senso esterno della psicologia del senso comune: il primo è strettamente collegato all'indagine neurofisiologica, il secondo, invece, specifico dell'analisi concettuale, teoretica. Secondo Gabbani, le teorie della simulazione, così come le teorie eliminativiste "non intaccano la psicologia del senso comune nel suo senso esterno": infatti, la validità concettuale di un termine come 'desiderio' e, soprattutto, il suo significato, afferma Gabbani, "non possono dipendere da un processo simulativo". In questo senso, occorre attribuire alla teoria della psicologia ingenua, "uno statuto proposizionale e un valore di verità". Nel suo senso esterno, precisa Gabbani, la teoria della psicologia del senso comune deve essere considerata "come un corpus teorico dotato di valore epistemico". Secondo Gabbani, "la descrizione fisicalista non esaurisce la mente": i correlati neurali e il contenuto qualitativo dell'esperienza cosciente appartengono a due "framework concettuali differenti". La psicologia del senso comune, se arricchita adeguatamente, costituisce una teoria dotata di valore epistemico, perché soltanto chi



possiede un adeguato vocabolario mentalistico può accedere al significato della *propria* esperienza psicologica, caratteristica, questa, necessaria anche per la comprensione dell'esperienza dell'altro.

A cura di Alberto Binazzi

Ridurre il riduzionismo genetico

Gereon Wolters¹

gereon.wolters@uni-konstanz.de

Abstract

In this article the author develops a critique of reductionism in biological sciences from three different points of view. The first is related to the problem of reduction in the context of scientific theories. More specifically, reduction deals with a special form of intertheoretic relationship between molecular biology and the rest of biology. The second meaning of reductionism has to do with the significance of its genetic outfit for the ontogeny of an organism, i.e. its development from zygote to its final or adult structure and function. Third, closely related to this more biological topic are questions about the anthropological consequences of the application of reductionistic methodologies for the explanation and evaluation of human behaviour.

Keywords: reductionism, intertheoretic relationship, development, behaviour.

Osservazioni introduttive

Quello di riduzionismo genetico è un concetto ambiguo. In questo lavoro, affronterò tre possibili significati, tra i tanti possibili, di tale concetto.

Il primo concerne la filosofia della scienza in generale e considera il problema del riduzionismo nel contesto delle teorie scientifiche. La domanda, in questo primo caso, riguarda la relazione che lega due teorie appartenenti allo stesso campo di indagine. Più specificamente, nel caso della biologia, il riduzionismo interessa una speciale forma di relazione interteorica che lega la biologia molecolare, inclusa la genetica molecolare, al resto della biologia, inclusa la genetica classica. Sia la genetica classica che la genetica molecolare trattano del problema dell'ereditarietà. La genetica classica è la forma che la genetica mendeliana assume nei decenni successivi alla sua riscoperta all'inizio del ventesimo secolo. Si tratta, infatti, di quella disciplina che parte dall'assunzione secondo cui molte caratteristiche degli organismi sono il risultato dell'operato dei cosiddetti geni.² I geni, a loro volta, nella genetica classica, non sono oggetti osservabili, ma sono piuttosto entità teoriche. Sia l'esistenza di queste entità teoriche, i geni, sia l'attribuzione ad esse di certe proprietà possono essere dedotte dai loro effetti fenotipici. Esempi di effetti fenotipici in genetica classica sono il colore bianco dei fiori delle

¹ Il presente articolo è stato presentato e discusso in occasione della giornata di studi su *Riduzionismi e antiriduzionismi nelle scienze del vivente. Prospettive storiche e teoriche*, tenutasi il 28 marzo 2008, presso il Dipartimento di Filosofia dell'Università degli Studi di Firenze. - Ringrazio Guido Caniglia per la sua splendida traduzione del mio manoscritto inglese.

² Questa espressione è stata introdotta per la prima volta nel 1909 dal botanico danese Wilhelm Johannsen, al quale siamo debitori anche dei termini "genotipo" e "fenotipo".



piante di pisello utilizzate da Mendel, oppure il colore azzurro degli occhi degli esseri umani, ma anche le entità biochimiche come il pigmento rosso degli occhi della *Drosophila melanogaster*. I geni sono proprio le entità teoriche dedotte da tali effetti fenotipici; essi sono, infatti, ritenuti ‘responsabili’ della loro espressione. Ad esempio, si può parlare del gene per il colore bianco delle piante di pisello.³ La genetica classica, pertanto si pone l’obiettivo di scoprire le leggi di trasmissione dei fenotipi e dei loro corrispondenti genotipi nel corso di generazioni successive. A questo servono ad esempio le cosiddette leggi di Mendel. La genetica classica, infatti, è spesso definita anche come “genetica della trasmissione” (*transmission genetics*). L’obiettivo della *genetica molecolare*, invece, consiste nell’identificazione molecolare e nella descrizione fisico-chimica dei geni e delle loro funzioni, vale a dire nel rintracciare il ruolo che essi svolgono nella costruzione di un determinato fenotipo. Si è soliti considerare il 1953 come anno di nascita della genetica molecolare, anno in cui Watson e Crick, assieme ad altri ricercatori, scoprono la struttura e la funzione della doppia elica. La genetica classica viene invece fatta risalire solitamente al 1866, anno in cui furono pubblicati i pionieristici lavori di Mendel, lavori che sono stati sostanzialmente ampliati e corretti nell’arco del secolo e mezzo successivo.

In diversi campi di indagine, dietro l’idea della riduzione, si cela un obiettivo filosofico centrale: preservare e difendere il fisicalismo, vale a dire la tesi stando alla quale tutti gli organismi sono oggetti fisici. Nel caso della genetica classica e della genetica molecolare, questo obiettivo viene perseguito dimostrando che concetti classici come quelli di ‘gene’, ‘allele’, ‘locus’, ‘dominanza’ e via dicendo possono essere espressi in termini molecolari, o meglio, che è lo stesso, in termini fisici.

La riduzione della genetica classica alla genetica molecolare è la prima forma di riduzione che intendo affrontare. Si tratta, infatti, di una nozione *teoretica* di riduzione, definita essenzialmente in termini logici. Una riduzione riuscita della genetica classica alla genetica molecolare trasformerebbe la prima in un’implicazione logica della seconda: la genetica classica diverrebbe rimpiazzabile, in linea di principio, dalla genetica molecolare. Questa prima accezione del termine riduzione è stata molto in voga tra i filosofi della scienza lungo tutto il corso degli anni settanta e ottanta del secolo scorso. Oggi, tuttavia, sembra aver perso gran parte della sua forza di attrazione, o meglio: la relazione interteorica in questione è stata riformulata in termini diversi. Si tende infatti, oramai, a parlare di ‘sopervenienza’ (*supervenience*) della genetica classica sulla genetica molecolare o anche della possibilità di intendere la genetica molecolare come un ‘ampliamento esplicativo’ della genetica classica.

La seconda accezione del termine ‘riduzionismo’ sulla quale desidero soffermarmi ha a che fare con l’importanza che il corredo genetico (*genetic outfit*) di un organismo ha nel corso della sua ontogenesi, ovvero con il ruolo che esso svolge nello sviluppo organico che porta dallo zigote fino alla formazione di strutture e funzioni adulte. Il riduzionismo genetico, in questo caso, sostiene che tutti i tratti ereditabili dell’organismo sono determinati dai geni. Problemi e quesiti che sorgono in questo contesto sono di ordine scientifico; le corrispondenti risposte vengono ricercate prevalentemente nella *biologia dello sviluppo*. Il problema, in questo caso,

³ Si noti, per inciso, che a causa del loro carattere eminentemente teorico, non sono mai state effettuate osservazioni di entità molecolari come ‘il gene per il colore bianco dei fiori di una pianta di pisello’.



consiste nel chiedersi se lo sviluppo può essere pensato come un contributo alla formazione di caratteristiche ereditabili. Se la risposta a questo quesito fosse positiva, allora l'appello all'esclusiva ereditarietà dei geni sarebbe da rifiutare e, assieme ad esso, il riduzionismo genetico in questa seconda accezione non potrebbe essere considerato valido.

In terzo luogo, strettamente legati a questo argomento in prevalenza biologico, si possono prendere in esame le conseguenze antropologiche dal carattere speculativo riguardanti sia la spiegazione che la valutazione del comportamento umano. Quest'ultimo, in questo contesto, è considerato come una funzione dell'organismo alla pari di molte altre, come solo per fare un esempio la pressione sanguigna. Se fosse possibile mostrare che anche il comportamento è geneticamente determinato, questo sancirebbe il trionfo definitivo del riduzionismo: anche i meccanismi cognitivi, l'azione morale e, in ultimo ma non di minore importanza, la credenza in Dio, diverrebbero generi di comportamento determinati dai nostri geni. Le discipline corrispondenti, come ad esempio l'epistemologia, l'etica e la teologia perderebbero inoltre la loro autonomia e il loro diritto di esistere al di fuori della biologia. Questa ultima accezione della nozione di riduzionismo, tuttavia, non è solitamente chiamata 'riduzionismo', ma viene piuttosto definita come 'determinismo genetico'.

Non può sorprendere che siano in corso numerosi dibattiti di stampo polemico su questi temi concettualmente scottanti (tra gli altri, anche il concetto tradizionale di libertà umana è messo in discussione). Si tratta di dibattiti che hanno portato a pubblicare intere librerie di testi di divulgazione. Basti nominare, in questa sede, il nome di Richard Dawkins. Estremamente interessante è poi il fatto che il determinismo genetico sembra essere particolarmente fiorente tra gli studiosi anglosassoni ed in particolare tra scienziati e scrittori britannici. Per mancanza di tempo, non potrò occuparmi del problema del determinismo genetico, vale a dire della terza accezione della nozione di riduzione, e mi limiterò a trattare i primi due significati appena formulati.

1. Riduzione in genetica?

Il riduzionismo, se considerato in relazione alle teorie scientifiche, possiede diverse dimensioni. Qui ne analizzerò soltanto tre. Innanzitutto, si può parlare di *riduzionismo ontologico*, secondo di *riduzionismo metodologico* e, per ultimo, di *riduzionismo epistemologico*.⁴

Il riduzionismo *ontologico* è identico al fiscalismo. Per quanto ne so, tutti i biologi sono riduzionisti ontologici. Sembra non ci sia più nessuno tra di loro che creda che gli esseri viventi siano costituiti da una materia diversa da quella fatta di atomi e molecole che conosciamo grazie alla fisica e alla chimica. Inoltre nessuno sembra fare appello all'esistenza di principi e forze non materiali, come ad esempio l'*entelechia* aristotelica, riportata in vita un secolo fa dal biologo e filosofo Hans Driesch (1867-1941); ma anche la *vis essentialis* utilizzata dal celebre embriologo Caspar Friedrich Wolff (1733-1794); o infine l'*élan vital* di Henri Bergson (1859-

⁴ A riguardo, si veda Ayala, *Introduction* a Ayala e Dobzhansky (1974, p. viii-x). Le considerazioni fatte in questo lavoro sono in sintonia con quanto sostenuto da Gagliasso (2001, cap. 3). Il comprensivo trattato di Sarkar (1998), inoltre, concorda in molti punti con il saggio di Ayala.

⁵ Ayala, *ibidem*, p. viii.



1941). Il riduzionismo ontologico, come detto precedentemente, è spesso definito come fiscalismo, vale a dire come coincidente con la tesi secondo cui tutto è fisico.

Il riduzionismo *metodologico*, come seconda dimensione del riduzionismo su cui ci soffermeremo:

racchiude sia problemi riguardanti le strategie di ricerca sia i modi in cui si acquisiscono conoscenze. Quando studiamo i fenomeni della vita, dobbiamo andare alla ricerca di spiegazioni attraverso l'indagine di processi che stanno ad un livello di complessità più basso rispetto a quello su cui si situano i fenomeni che dobbiamo spiegare e in ultima analisi essere ricondotti sempre al livello degli atomi e delle molecole? Oppure bisogna cercare di acquisire conoscenze sia dallo studio dei livelli più alti che da quello dei livelli più bassi di organizzazione?⁵

Ayala ritiene che “gran parte degli scienziati e dei filosofi concordino sul fatto che lo studio dei problemi che sorgono in un determinato livello di complessità del mondo vivente possono essere affrontati attraverso l'indagine sia dei livelli di maggiore che di minore organizzazione.”⁶ Questa sembra essere una posizione estremamente ragionevole che può essere considerata valida anche per quanto riguarda la genetica. Il riduzionismo metodologico, infatti, è una strategia di ricerca estremamente produttiva, ma che difficilmente, alla pari di quanto dice Ayala, può essere l'unica. Ad ogni modo, sia che si guardi al ruolo attribuito allo sviluppo sia che si considerino posizioni ascrivibili al determinismo genetico possono sorgere dubbi sul fatto che la proposta di Ayala del 1974, che considera come complementari le ricerche svolte all'interno di livelli più alti e meno alti di complessità, sia presa sul serio da tutti al giorno d'oggi. Sembra piuttosto che ci sia una tendenza tra i filosofi della scienza a dare preminenza metodologica ad una prospettiva geno-centrica (*gene-centered view*).⁷

Per quanto riguarda il riduzionismo *epistemologico*, il problema consiste invece nel vedere “se sia possibile dimostrare che le teorie e le leggi sperimentali formulate in un certo campo di indagine siano casi speciali di teorie e leggi formulate in altre branche della scienza.”⁸

Passiamo ora a considerare più da vicino una forma standard di riduzionismo tra teorie. Questo genere di riduzionismo può essere considerato, *prima facie*, plausibile. Sembra, infatti, che esistano buoni esempi di riduzioni tra differenti teorie. Si consideri il tipico esempio della riduzione della termodinamica classica, anche detta termodinamica fenomenologica, alla teoria cinetica o meccanica statistica, come essa viene spesso definita. La termodinamica classica descrive il calore come un fenomeno irriducibile che colpisce i nostri sensi o che può essere misurato dai nostri termometri. Tuttavia, in seguito alla scoperta avvenuta nel diciannovesimo secolo, stando alla quale la temperatura, ad esempio quella di un gas all'interno di un contenitore, è determinata e quindi proporzionale all'energia cinetica media

⁵ Ayala, *ibidem*, p. viii.

⁶ Ayala, *ibidem*, p. ix.

⁷ Una notevole eccezione è costituita da Waters (2006), il quale, senza sottovalutare l'importanza della *gene-centered biology*, propone un pluralismo di accessi alla ricerca dei fenomeni biologici.

⁸ Ayala, *ibidem*. In questo lavoro prendo in considerazione solo riduzioni interteoriche che si riferiscono a fenomeni di genere apparentemente differente e non riduzioni che riguardano lo stesso genere di cose, come avviene ad esempio nel caso della riduzione delle leggi di Keplero sui moti planetari o le leggi di Galileo sulla caduta libera dei gravi alle leggi della meccanica newtoniana, inclusa la legge di gravitazione. A tale riguardo, si veda ad esempio Hull (1974, cap.1).



delle sue molecole,⁹ si è creduto di essere pervenuti ad una comprensione più profonda del fenomeno del calore. Tale convinzione era strettamente connessa con l'idea che le regolarità che si riscontrano nella termodinamica classica possono essere espresse anche nel linguaggio della teoria cinetica. Un ulteriore progetto di riduzione tra teorie, all'apparenza estremamente plausibile, è quello che ha di mira la riduzione dell'intera biologia alla fisica, idea questa molto cara agli empiristi logici.¹⁰ Questo approccio riduzionista estremamente pervasivo divenne sempre più plausibile quando il riduzionismo ontologico e il fisicalismo divennero gli approcci prevalenti nel campo delle ricerche biologiche.

Fu Ernest Nagel, nell'ormai classico *La struttura della scienza* (*The Structure of Science*, 1961), in piena sintonia con lo spirito dell'empirismo logico, a delineare meticolosamente per la prima volta le condizioni formali, stando alle quali poteva essere portata a termine una possibile riduzione tra teorie.¹¹ A tal fine, ci sono due condizioni formali che devono essere soddisfatte.

1) La *possibilità di connettere* (*connectability*) i concetti delle due teorie: devono essere elaborate leggi-ponte (*bridge-laws*), o definizioni coordinative, che siano in grado di connettere, ad esempio, i concetti della termodinamica classica, che non sono parte della meccanica statistica, con quelli della stessa meccanica statistica. Mettere in relazione la nozione classica di temperatura, che non è presente nella meccanica statistica, con la nozione solo statistica di energia cinetica media delle molecole è un esempio di legge-ponte (*bridge-law*). 2) La *possibilità di derivare logicamente* (*logical derivability*) le leggi della teoria da ridurre (*reduced theory*) da quelle della teoria che riduce (*reducing theory*). Rimanendo nel nostro esempio, in questo secondo caso, si richiede che le leggi della termodinamica classica debbano poter essere derivate dalle leggi della meccanica statistica con l'aiuto di leggi-ponte come quella appena menzionate. Un altro esempio tipico, a riguardo, è costituito dalla legge dei gas perfetti, la quale fu formulata inizialmente all'interno della termodinamica fenomenologica come relazione che lega volume, pressione e temperatura di un gas. Nella meccanica statistica tale relazione viene invece trasformata utilizzando la definizione di temperatura in forma di legge (*law-like*) come energia cinetica media di traslazione delle molecole di un gas.

I criteri sostanzialmente logici che consentono di portare a compimento con successo una riduzione tra teorie, vale a dire quegli stessi criteri che furono formulati da Nagel, sono stati modificati viepiù nel corso dell'ultimo mezzo secolo, sebbene sia rimasta valida l'intuizione di base che guidò la loro formulazione, ovvero il fatto che deve esserci una connessione logica forte tra la teoria che riduce e quella che deve essere ridotta. Ad ogni modo, se si cercano esempi di riduzioni ben riuscite, in accordo con i criteri di Nagel, non si può che rimanere delusi.¹² Per alcuni filosofi della scienza, infatti, è possibile trovare fino ad ora un unico esempio di riduzione riuscita, quello della termodinamica classica alla meccanica statistica.

⁹ Per ragioni dettate da criteri di semplicità, si tende in questi casi a prendere in considerazione soltanto l'energia cinetica di traslazione, trascurando sia l'energia rotazionale che quella di oscillazione.

¹⁰ Cfr. Wolters (1999).

¹¹ Cfr. Nagel (1961), Cap. 11.

¹² Kitcher (1984, p. 336) – o nell'edizione successiva (1998, p. 972) – arriva a concludere che “anche dopo tanto affaccendarsi con il concetto di riduzione, non si può dire che la genetica classica sia stata ridotta – o che venga attualmente ridotta – alla genetica molecolare”.



Tuttavia, anche quest'unico esempio è stato messo in dubbio per buone ragioni.¹³ Vi erano poi altri candidati celebri di riduzione, come ad esempio quello della genetica mendeliana alla genetica molecolare; oppure il caso della riduzione della psicologia cognitiva alla neurofisiologia. Quest'ultimo esempio di riduzione rappresenta inoltre uno degli argomenti più scottanti dell'attuale dibattito pubblico. Fino ad ora, in questi ultimi casi, differentemente da quanto detto riguardo alla termodinamica, nessuno ritiene di avere effettuato con successo la riduzione di una teoria a un'altra.

Detto questo, è ora possibile considerare più da vicino una forma specifica di riduzionismo epistemologico: il riduzionismo genetico. Anche in questo caso ci troviamo di fronte alla stessa intuizione di base che ha guidato la riduzione della termodinamica classica alla meccanica statistica. In ambito genetico, alla connessione in forma di legge (*law-like connection*) che lega temperatura ed energia cinetica media delle molecole sembra corrispondere una connessione simile tra i geni in quanto entità teoriche postulate come basi materiali dell'eredità dei tratti mendeliani, da un lato, e quelle parti del DNA alle quali ci si riferisce solitamente come 'geni', dall'altro. Tuttavia il proposito di connettere riducendoli i geni mendeliani e quelli molecolari è risultato fallimentare.¹⁴ Il motivo di tale fallimento va ricercato soprattutto nel fatto che è impossibile elaborare leggi-ponte adeguate che riescano a mettere in relazione il livello mendeliano delle caratteristiche osservabili con il livello molecolare dei tratti di DNA. Le relazioni tra i due livelli, ovvero la connessione tra il livello fenomenologico, da un lato, e quello molecolare, dall'altro, sono troppo complesse per poter riscontrare la presenza di una corrispondenza uno-a-uno dei rispettivi concetti.¹⁵ Infatti, i geni mendeliani, ad esempio,¹⁶ sono al contempo unità di ricombinazione, mutazione ed espressione fenotipica. Le corrispondenti unità molecolari, invece, differirono in tutti e tre questi casi. L'unità molecolare della ricombinazione corrisponde al numero minimo di nucleotidi che possono essere ricombinati tra due segmenti di DNA, che corrispondono a uno o a due nucleotidi. L'unità molecolare della mutazione coincide invece con il numero minimo di nucleotidi all'interno del quale la sostituzione di una base produce una mutazione o un cambiamento del messaggio genetico – il cosiddetto codone, l'insieme di tre o più nucleotidi. Infine l'unità di espressione, ovvero il numero minimo di nucleotidi in grado di codificare un fenotipo, è costituito da qualcosa come novecento nucleotidi. Il risultato è che la relazione "che lega geni molecolari e

¹³ Già Popper (1974) mette in dubbio, in generale, la possibilità di portare a termine in maniera completa la riduzione di una teoria a un'altra. Uno degli argomenti a favore di tali tesi si basa sul fatto che i risultati della ricerca scientifica sono aperti, poiché nessuno è in grado di prevedere come una teoria si svilupperà in futuro e, corrispettivamente, se le nuove leggi possono essere riducibili. Feyerabend (1981) ha contestato il fatto che i due criteri di riduzione elaborati da Nagel non potranno mai essere implementati. Questo risultato è basato sulla visione che Feyerabend ha dell'incommensurabilità e sull'assunto stando al quale ogni tentativo di riduzione implica una *correzione* della teoria ridotta. Inoltre la cosiddetta *theory ladenness* rende tutti i concetti di una teoria dipendenti dal contesto della rispettiva teoria, dipendenza che non può essere trasferita in un'altra teoria. Kitcher (1998), p. 997 (fn. 7), sottolinea giustamente che è piuttosto la teoria che riduce a dover essere modificata per poter essere utile ai fini della riduzione. Il chimico teorico svizzero Hans Primas (1983, 1985) ha argomentato perentoriamente contro la riduzione della chimica alla fisica. Si veda anche la n. 26 del presente articolo.

¹⁴ Una descrizione densa e istruttiva di questo fallimento è fornita da Rheinberger e Müller-Wille (2004, sez. 5).

¹⁵ In quanto segue, cito da Rosenberg (1985, p. 95). Hull (1974, cap. 1), inoltre, fu il primo a individuare questo errore caratteristico delle riduzioni interteoriche.

¹⁶ Problemi simili emergono quando si tenta di trovare definizioni coordinative per altri concetti, come succede ad esempio nel caso della controparte molecolare della nozione mendeliana di dominanza.



geni mendeliani è [...] una relazione del tipo multi-a-molti”.¹⁷ Questo significa che, da un lato, uno stesso segmento di DNA può avere effetti su più di un tratto fenotipico (pleiotropia) e, dall’altro lato, che lo stesso tratto fenotipico è determinato da geni differenti (poligenia). Sembrerebbe che questo risultato rifletta il fatto che, in differenti domini ontologici, si trovano differenti “tipi naturali” (*natural kinds*) che non consentono una mappatura “uno-a-uno”. A questo punto non ha eccessiva importanza, se si considera, come fanno Rosenberg e altri, “la riduzione della genetica mendeliana a quella molecolare come una possibilità logica oppure come una possibilità fisica”¹⁸. Ad ogni modo non si tratta di una relazione tra teorie che possa essere trattata in maniera agevole e, inoltre, non aggiunge nulla, o molto poco, alla nostra comprensione.

La ragione di questo fallimento nel tentativo di cogliere un certo tipo di relazione interteorica attraverso la nozione logica di riduzione riflette l’inadeguatezza della nozione neo-empiristica di teoria scientifica. Ci sono stati differenti tentativi di affrontare tale inadeguatezza. Qui ne menzionerò solo due: in primo luogo, l’idea elaborata da Philip Kitcher di “ampliamento esplicativo” e, secondo, la proposta di Alex Rosenberg ed altri di concepire la genetica classica come sopravveniente sulla genetica molecolare.

Iniziamo da Kitcher. Le teorie, per gli empiristi logici, non sono altro che insiemi di asserzioni. Ma questo – quasi nel senso di Thomas Kuhn – è vero solo in parte: “Il corpus di asserzioni riguardanti l’ereditarietà dei caratteri ritenuto valido in un determinato periodo è solo una delle componenti di un’entità molto più complicata che chiamerò *pratica* della genetica classica in quel periodo.”¹⁹ Tra gli altri componenti di questa pratica, Kitcher include: (1) un linguaggio comune utilizzato per parlare dei fenomeni ereditari; (2) un insieme di domande considerate adeguate in relazione ai fenomeni ereditari cui si riferiscono; (3) un insieme di modelli di ragionamento utilizzati per rispondere agli interrogativi considerati appropriati; (4) un certo numero di procedure sperimentali e di regole metodologiche utilizzate per la valutazione delle risposte trovate.²⁰ Questa nozione di teoria, che è molto più vicina alla pratica scientifica di quanto non lo sia quella neo-empiristica, è alla base della definizione di biologia molecolare come “ampliamento esplicativo” elaborata da Kitcher. In questo modo, la genetica molecolare contribuisce in maniera notevole (anche se non in maniera esclusiva) alla comprensione di proprietà e processi che appartengono al livello della genetica classica, senza

¹⁷ Rosenberg (1985, p. 105). Lewontin (2004, p. 7) osserva che i biologi dello sviluppo, per ‘considerazioni pragmatiche’, prendono la decisione di perseguire una strategia di ricerca, stando alla quale: “la comprensione dei meccanismi di sviluppo sarà meglio raggiunta se ci si concentra innanzitutto su quelle caratteristiche dello sviluppo che mostrano una relazione non ambigua tra genotipo e fenotipo, mentre i problemi posti dalle relazioni multi-a-molti vengono lasciate per ricerche future.” Ma questa decisione strategica ha il suo prezzo, poiché “come effetto collaterale non intenzionato [...], esso crea e rinforza una prospettiva ipersemplicitistica delle relazioni che legano geni e caratteri.”

¹⁸ Rosenberg, *op. cit.*, p. 111. È possibile trovare una trattazione estremamente sottile in Sober (2000, p.78). Questi pensa che sia possibile spiegare fisicamente l’occorrenza di particolari eventi biologici, ma nega al contempo la possibilità di fornire una spiegazione fisica unitaria di schemi così diversi. Ad esempio: “I leoni *afferrano* e *mangiano* le antilopi, una trappola di venere *afferra* e *mangia* le mosche. Tuttavia i dettagli fisici di che cosa significa *afferrare* e *cacciare* in questi due casi differiscono marcatamente. Le categorie biologiche ci consentono di riconoscere le similarità tra differenti sistemi fisici.” – Incontreremo questo argomento ancora una volta, quando parleremo della sopravvenienza del biologico sul fisico.

¹⁹ Kitcher (1984, p. 352) oppure (1998 p. 981).

²⁰ Kitcher, *ibid.*



diventare con questo una teoria che riduce nel senso neo-empiristico di tale espressione.²¹ Esempi convincenti a riguardo sono la replicazione, la mutazione e altri casi più specifici come, ad esempio, la comprensione degli aspetti genetici dell'anemia falciforme.

Alexander Rosenberg invece sembra essere il primo ad aver proposto di interpretare il rapporto tra genetica molecolare e genetica classica come una relazione di sopravvenienza. Questo significa che i fenomeni descritti dalla genetica molecolare determinano completamente quelli della genetica mendeliana, “sebbene essi non possano essere connessi agli altri in una maniera agevolmente trattabile”²² In maniera del tutto generale il concetto di sopravvenienza (*supervenience*), utilizzato anche per descrivere la relazione tra proprietà fisiche e mentali, può essere caratterizzato come segue: “Un insieme di P-proprietà sopravviene ad un altro insieme di Q-proprietà, quando le Q-proprietà di un oggetto determinano quali sono le sue P-proprietà – ma non vale il viceversa. Se P sopravviene su Q, allora sussiste una mappatura del tipo uno-molti da P a Q.”²³ Un esempio particolarmente istruttivo di sopravvenienza di un concetto genetico è rappresentato dal concetto di fitness. Al fine di comprendere la sopravvenienza della nozione di fitness sulle proprietà fisiche di un organismo, si può prendere in considerazione il caso di Knut, il più celebre degli orsi polari tedeschi. Knut è diventato una celebrità perché sua madre, appena dopo la sua nascita avvenuta lo scorso anno allo zoo di Berlino, lo rifiutò e alla fine venne preso in custodia dal suo guardiano. Si prenda adesso in considerazione l'albero sulla sinistra dietro la statua del *filosofo calvo* sulla seconda via trasversale dei Giardini di Boboli. È senz'altro possibile che Knut e questo albero abbiano lo stesso valore di *fitness*, inteso qui come probabilità di sopravvivenza. Poiché viene espresso in forma probabilistica, il valore di *fitness* può variare da 0 e 1. Anche se attribuiamo lo stesso valore a Knut e all'albero, è tuttavia chiaro che la sua realizzazione fisica può essere alquanto differente nei due casi: un orso polare allevato in uno zoo tedesco, infatti, non condivide molti aspetti fisici con un albero coltivato in un parco fiorentino conosciuto in tutto il mondo. Come nel caso già citato della poliginia, nel contesto delle analisi genetiche di cui ci stiamo occupando, troviamo altri esempi di realizzabilità multipla: diverse stringhe di DNA possono determinare un'unica proprietà genetica nel senso classico del termine, ad esempio il pigmento occhi-rossi della *Drosophila melanogaster*. Tuttavia – in base a quanto richiesto dalla definizione di sopravvenienza – ogni differenza tra le proprietà classiche è correlata a una differenza tra proprietà molecolari. Pertanto si potrebbe dire che la sopravvenienza in genetica può essere definita in questo modo: non ci sono differenze fenomenologiche senza differenze genetiche molecolari, ma non vale il viceversa.

Se si utilizza il concetto di sopravvenienza, è inoltre possibile ridefinire il fisicalismo in maniera più precisa: “Sostenere che un organismo sia una cosa fisica significa dire che tutte le proprietà che possiede sopravvivono su quelle fisiche.”²⁴ – In questo modo, alla fisica viene attribuito “uno statuto speciale tra tutte le scienze”. Infatti, è possibile dire “che il vocabolario delle

²¹ Cfr. Kitcher (1984, 358) oppure (1998, p. 985).

²² Rosenberg (1985), p. 112. Rosenberg già nel 1978 aveva pubblicato un lavoro sulla sopravvenienza dei concetti biologici.

²³ Sober (2000), p. 75.

²⁴ Sober, *ibid.*



proprietà fisiche fornisce la descrizione a grana fine degli oggetti particolari che popolano il mondo”²⁵ Tuttavia, è il caso di sottolineare che, alla luce della nozione di sopravvenienza precedentemente formulata, il fisicalismo sembra dover essere di tipo non riduttivo, almeno se si considera una definizione di riduzione di tipo interteorico.

Per riassumere, è possibile sostenere che l’idea originaria di ridurre la genetica classica alla genetica molecolare ha fallito, o quanto meno le sue pretese sono state ampiamente ridotte, per una ragione di tipo pragmatico: la mancanza di *trattabilità*. In aggiunta ai due motivi appena menzionati – innanzitutto la definizione troppo angusta di teoria scientifica, la quale non è in grado di rendere conto degli aspetti logicamente irriducibili della prassi scientifica, e in secondo luogo, il fatto che la relazione tra la genetica molecolare e la genetica classica non sia una relazione di inclusione logica, ma piuttosto di sopravvenienza – ne vedo un terzo: spesso le proprietà a differenti livelli di realtà non sono congruenti, come avviene ad esempio nel caso qui analizzato di proprietà e classi di oggetti a livello molecolare rispetto alle entità osservabili del livello fenomenologico. Questo genere di incongruenza riflette, a mio avviso, una caratteristica ontologica più profonda. In altri termini, le regolarità scientifiche presenti su diversi livelli ontologici sono, in realtà, leggi o regolarità tra differenti classi di entità che non sempre possono essere connesse attraverso apposite definizioni coordinative, ovvero per mezzo di leggi-ponte. Poiché le classi di cose messe in relazione tra loro nelle leggi scientifiche sono anche dette *natural kinds*, si può ritenere a ragione che scienze diverse che si occupano di diversi livelli ontologici dissezionano il mondo in diversi *natural kinds*, i quali non sempre risultano essere congruenti. E questo vale già per alcuni *natural kinds* della chimica in relazione alla fisica;²⁶ e ovviamente, ancora di più, per molti *natural kinds* delle discipline biologiche, inclusa in questo caso la relazione tra *natural kinds* della genetica classica e *natural kinds* della genetica molecolare.²⁷

Quanto detto fino ad ora fa emergere un problema estremamente interessante che riguarda la possibilità o meno di individuare un rapporto di priorità, rispettivamente, della genetica molecolare sulla genetica classica, o anche della biologia molecolare sulla biologia classica.²⁸ Quale che sia questo genere di priorità, sicuramente non si tratta di una priorità ontologica, per cui i *natural kinds* di una scienza sarebbero più reali e, pertanto, dovrebbero avere la precedenza su quelli di un’altra. Questo sarà vero almeno fino a quando le regolarità che riguardano quei *natural kinds* saranno ben confermati dall’evidenza e fino a che essi manterranno il loro posto nella nostra comprensione del mondo.

In sintesi: una discussione più approfondita del riduzionismo epistemologico riduce considerevolmente le pretese e le aspettative che esso porta con sé. Il riduzionismo

²⁵ Sober, *ibid.*

²⁶ Primas (1985) osserva che indipendentemente dall’enorme importanza che la chimica quantistica riveste per la chimica generale, la chimica quantistica non è in grado di fornire una equazione come quella di Schrödinger per proprietà chimiche quali essere un Chetone. (I chetoni sono gruppi funzionali caratterizzati dalla presenza di un gruppo carbonilico (O=C), il quale, nel caso più semplice, è legato ad altri due atomi di carbonio. Quello dell’Acetone (H₃C-O=C-CH₃) è l’esempio più semplice di Chetone).

²⁷ Kitcher (1999, p. 197) spiega questa incongruenza con il fatto che nella genetica classica i geni sono identificati funzionalmente, mentre non esiste alcuna determinazione strutturale “della nozione generale di gene attualmente disponibile.”

²⁸ Ad esempio, si veda Rosenberg (2006) che ribadisce una tale priorità.



epistemologico, nell'accezione del buon vecchio empirismo logico, è semplicemente morto. Tuttavia non si può non constatare che esso sia sopravvissuto in forme più raffinate, tra le quali le più rappresentative sono quella di Kenneth Schaffner, C. Kenneth Waters²⁹ e Alexander Rosenberg. In questa sede non ho intenzione di entrare nel merito di ulteriori dettagli. Passerò invece a mettere alla prova le pretese accampate dal riduzionismo nell'ambito dei problemi connessi ai fenomeni dello sviluppo.

2. Riduzione e Sviluppo

Qui il riduzionismo genetico viene spesso chiamato anche 'genocentrismo'. Agli albori della genetica si credeva nell'esattezza della relazione 'un gene molecolare – un carattere fenotipico'. Questa concezione semplicistica dovette subito essere abbandonata. Nell'ultimo paragrafo ci siamo già imbattuti in alcuni dei motivi che condussero a tale abbandono. L'idea che si cela dietro l'accettazione della relazione 'un gene – un carattere' "consiste nell'identificare un gene con la sequenza di DNA da cui viene trascritta una particolare proteina attraverso un mRNA."³⁰ Tuttavia, come abbiamo avuto modo di mostrare in precedenza, a livello molecolare le cose sono talmente variegata da non consentire di "identificare i geni mendeliani con i geni molecolari, poiché quello di 'gene molecolare' non è il nome di un specifico tipo molecolare. Non possiamo identificarli nemmeno con altre strutture a livello molecolare."³¹ In biologia molecolare il termine *gene* è utilizzato "come un'etichetta che viene continuamente cambiata di posto e non come un nome per una specifica specie molecolare".³² Nonostante ciò sia ormai estremamente evidente, l'opinione pubblica sembra essere convinta che ci siano tanti geni quante sono le caratteristiche che devono essere spiegate, ad esempio un gene per il cancro in generale e geni per determinati tipi di cancro in particolare, un gene per l'omosessualità, per l'alcolismo, per l'aggressività, per la violenza carnale, per il comportamento criminale e, infine, un gene per la fede in Dio.

Come detto in precedenza, in biologia dello sviluppo vengono condotte ricerche sulla formazione dei processi di sviluppo che conducono un organismo dallo stato zigotico allo stato adulto e, eventualmente, alla morte.³³ Interessante, per l'ordine di discorso affrontato qui, è la pretesa accampata dal riduzionismo genetico di considerare i geni come l'unica causa dell'eredità, o anche di pensare che quanto ci sia di ereditario nei processi di sviluppo sia esclusivamente di ordine genetico.

Tale rivendicazione si è dimostrata subito falsa. Anche i riduzionisti più strenui non mettono in dubbio il fatto che vi siano tratti ereditari di ordine non genetico. L'ereditarietà non genetica è, per l'appunto, chiamata "ereditarietà epigenetica". Cito qui dalla più interessante introduzione alla filosofia della biologia di Sterelny and Griffiths, un lavoro che sarebbe sopravvissuto sul mercato editoriale anche senza il suo titolo fuorviante e sensazionalista *Sex and Death*:

²⁹ In Waters (2006) è possibile osservare delle modificazioni sostanziali rispetto ai lavori precedenti.

³⁰ *Op. cit.*, p. 132.

³¹ *Op. cit.*, p. 133.

³² *Op. cit.*, p. 145.

³³ Minelli (2007) fornisce un quadro generale completo e sintetico dello stato attuale delle ricerche in ambito di biologia evolutiva dello sviluppo (*Evolutionary Developmental Biology*, da cui *Evo-devo*).



L'idea per cui i geni nucleari costituiscono tutto ciò che un organismo può trasmettere dalle cellule che contengono il gamete è semplicemente antiquata. Per potersi sviluppare in maniera corretta, la cellula uovo deve contenere una folta schiera di complessi dispositivi biochimici. Tra questi si trovano i corpi basali e i centri di organizzazione dei microtubuli, i gradienti chimici del citoplasma, i copioni di metilazione del DNA,³⁴ le membrane, i diversi organelli e infine il DNA. Cambiamenti in questi meccanismi possono causare variazioni ereditarie che compaiono in tutte le cellule che discendono da una determinata cellula uovo.³⁵

In questo contesto l'autore cita un'ipotesi estremamente interessante: "alcune differenze di comportamento tra esseri umani di sesso maschile e femminile non sono dovute a differenze genetiche, ma all'ereditarietà dei *patterns* di metilazione", i quali sono in grado di bloccare la trascrizione dei geni ai quali si legano. Un *pattern* di metilazione, tuttavia, è "replicato da uno speciale sistema di copie di metilazione", ma non dall'operato dei geni.³⁶ Se invece fosse vero che queste differenze dipendono esclusivamente dall'operato dei geni, potremmo, finalmente, sapere, perché le donne non sanno parcheggiare le macchine e i maschi non sono in grado di ascoltare.

Prendendo in considerazione diversi casi di ereditarietà non genetica – tra gli altri, le diverse forme di *imprinting*, dal canto degli uccelli all'influenza dell'*habitat* –, gli autori arrivano a concludere che: "In questo modo i genitori trasmettono molte cose alla loro prole: geni, chimica cellulare e altre strutture cellulari; caratteristiche del loro ambiente fisico (sistemi di nascondimento, reti e altro ancora); modelli di comportamento."³⁷ In sintesi, tutto ciò che viene ereditato da un organismo non è costituito soltanto dal genoma, ma da un'intera matrice di sviluppo, della quale il genoma rappresenta solo una parte, sebbene estremamente importante.

Nonostante le scoperte empiriche di casi di ereditarietà non genetica, i devoti difensori del riduzionismo geocentrico, come Rosenberg ad esempio, non si sono ancora arresi. Al contrario, lo stesso Rosenberg ha lanciato un interessante contrattacco, al fine di dimostrare che, nei meccanismi di sviluppo, non regna mai una 'democrazia causale', ovvero un sistema in cui esiste una pluralità di cause che soprassedono ai meccanismi ereditari, delle quali, tuttavia, nessuna svolge un ruolo privilegiato rispetto alle altre.³⁸ Il resoconto fornito da Rosenberg poggia, tra l'altro, su diverse premesse estremamente dubitabili: in primo luogo egli è convinto del fatto che gli organismi nel loro stato embrionale siano, letteralmente, gli esecutori di un programma che ne controlla lo sviluppo. Ma, come ha giustamente affermato Marcel Weber, le evidenze empiriche fornite da Rosenberg "mostrano semplicemente che parte dei meccanismi genetici che contribuiscono allo sviluppo degli embrioni possono essere modellizzati *come se* fossero degli interruttori del programma di un computer. Quello che succede nell'embrione è descrivibile anche in termini meccanicistico-causali."³⁹ Weber,

³⁴ La metilazione può causare un blocco dell'espressione genica per mezzo della formazione di un legame che coinvolge una base con un gruppo metilico (-CH₃).

³⁵ Sterelny/Griffiths (1999, p. 96). Una discussione più recente e comprensiva degli stessi temi si trova in Moss (2003, cap. 3).

³⁶ *Op. cit.*, p. 96.

³⁷ *Op. cit.*, p. 97.

³⁸ Cf. Rosenberg (1997) and (2006).

³⁹ Weber (2008, p. 147).



inoltre, istituisce il giusto ordine di priorità: “Le cause e, forse, anche i meccanismi appartengono al mobilio ontologico del mondo. Programmi e calcoli, no.”⁴⁰ Una seconda premessa alquanto discutibile utilizzata da Rosenberg è rappresentata dal fatto che egli assume il ‘principio della selezione naturale’ come unica legge della biologia. In questo modo si addentra nel problema estremamente controverso dello statuto da assegnare alle leggi biologiche. Stando al ‘principio della selezione naturale’ di Rosenberg, le uniche *natural kinds* causalmente omogenee in biologia sono costituite da funzioni selezionate per i loro effetti. Senza voler entrare nel merito di ulteriori dettagli, in questo caso, vorrei sostenere con Weber l’idea che possono esistere generalizzazioni causali concernenti tipi biologici che non dipendono dalla selezione naturale.

Ci sarebbe molto altro da dire contro il tentativo di Rosenberg di salvaguardare il riduzionismo genetico nell’ambito dello sviluppo.⁴¹ Le battaglie di retroguardia condotte dai riduzionisti continueranno sicuramente ad avere luogo, nonostante sia ormai chiaro che le ragioni a loro favore si sono ridotte talmente tanto negli ultimi anni da far pensare che sia preferibile optare per una resa.

3. Osservazioni conclusive

A questo punto rimane aperto il problema di comprendere, per quali motivi i riduzionisti non si arrendono. Devono esserci ragioni molto profonde che gettino luce su questo fatto. Qui propongo due ipotesi. La prima ha a che fare con l’incredibile successo ottenuto dalla biologia molecolare nell’ultimo mezzo secolo. Tale successo sembra supportare il riduzionismo biologico allo stesso modo in cui gli enormi successi esplicativi della meccanica classica sembrano spingere verso la riduzione alle sue leggi dell’intera fisica. Alla fine del diciannovesimo secolo, era infatti convinzione diffusa che tutte le parti della fisica potessero essere ridotte alla meccanica. L’elettrodinamica era l’unica branca a non essere stata ancora ridotta. Fu Einstein, infine, nel suo lavoro sulla teoria della relatività del 1905, a porre fine a questa fede nel credo meccanicistico.

La seconda ipotesi che vorrei proporre ha a che fare con i modi e gli stili in cui il lavoro filosofico viene condotto. Se non mi sbaglio, non esistono riduzionisti estremi che non siano Anglosassoni. Questo potrebbe avere a che fare con il tradizionale orientamento empiristico della filosofia britannica. L’empirismo ha sempre reclamato per se un atteggiamento realistico, sobrio e onesto a riguardo, in opposizione a quello di razionalisti e idealisti di origine ‘continentale’. Questa attitudine può assumere, a volte, forme eroiche che, tuttavia, per altri possono risultare estremamente ridicole. Riporto qui un esempio tratto dalla filosofia della psicologia: Paul e Patricia Churchland, infatti, non hanno lavorato solo alla riduzione della psicologia cognitiva alle neuroscienze, ma anche a quella della cosiddetta *folk psychology*, o *psicologia popolare*, alle stesse neuroscienze. La *folk psychology* ha a che vedere con le spiegazioni quotidiane che siamo in grado di fornire del comportamento delle altre persone. In

⁴⁰ Weber, loc. cit.

⁴¹ Si veda ad esempio l’insistenza di Laubichler e Wagner (2001) sulla necessità di prendere in considerazione tipi funzionali non molecolari per la spiegazione dello sviluppo.



queste spiegazioni siamo soliti utilizzare le parole ‘amore’, ‘desiderio’, ‘paura’, ‘pena’, ‘credenza’ e via dicendo. Bene, i coniugi Churchland ritengono, senza alcun tipo di compromesso, che questi concetti della psicologia popolare non possiedano alcun tipo di correlato neurologico. Pertanto, come è stato già messo in evidenza nel caso della genetica, non vi sarebbe nessun tipo di riduzione della *folk psychology* alle neuroscienze. Questo viene ammesso senz’altro dai Churchlands. Tuttavia, essi non ne deducono che vi sia qualcosa di sbagliato nel loro progetto di ridurre le categorie fondamentali del nostro mondo-della-vita a quelle delle neuroscienze, ma arrivano a sostenere che la concettualizzazione che noi effettuiamo di quel nostro mondo è sbagliata. Dovremmo lavorare – questa è la proposta veramente sconvolgente – al progetto di rimpiazzare la psicologia popolare con le neuroscienze. Habermas ha parlato di colonizzazione del nostro mondo-della-vita da parte della scienza, sebbene lo abbia fatto in contesti meno eccessivi o oltraggiosi.

Chiedo scusa, infine, se sono incline a valutare i progetti riduzionistici, quale quello rappresentato dal determinismo genetico dei Churchlands, di Dawkins ed altri, non come spregiudicati o eroici, ma semplicemente come pieni di preconcetti, e di scarsa capacità di giudizio. Entrambe caratteristiche che sembrano oscurare la notevole intelligenza di questi scienziati. Infine, per riabilitare Rosenberg, si può comunque mettere l’accento sul fatto che, sebbene egli difenda il riduzionismo (con argomenti interessanti e intelligenti), per lo meno non arriva mai a sostenere forme di determinismo genetico *a là* Dawkins.

Gereon Wolters

Bibliografia

1. Ayala, Francisco José e Dobzhansky, Theodosius (eds.) (1974): *Studies in the Philosophy of Biology: Reduction and Related Problems*, London (Macmillan).
2. Dawkins, Richard (1999): *The Extended Phenotype: The Long Reach of the Gene*, with a new afterword by Daniel Dennett, Oxford 1999 (1st edition 1982).
3. Feyerabend, Paul K. (1981): “Explanation, Reduction and Empiricism”: in: *idem, Problems of Empiricism. Philosophical Papers*, Vol. I, Cambridge (Cambridge University Press), 44-96 (prima pubblicazione 1962).
4. Gagliasso, Elena (2001): *Verso un’epistemologia del mondo vivente*, Milano (Guerini).
5. Hull, David L. (1974): *Philosophy of Biological Science*, Englewood Cliffs N.J. (Prentice Hall).
6. Kitcher, Philip (1984): “1953 and All That: A Tale of Two Sciences”, in: *Philosophical Review* 93, 335-373 (reprinted in: Martin Curd/Jan A. Cover (eds.), *Philosophy of Science: The Central Issues*, New York (W. W. Norton) 1998, 971-1003).
7. Kitcher, Philip (1999): “The Hegemony of Molecular Biology”, *Biology and Philosophy* 14, 195-210.
8. Lewontin, Richard (2004): “The Genotype/Phenotype Distinction”, in: *Stanford Encyclopedia of Philosophy* (<http://plato.stanford.edu/entries/genotype-phenotype/>).
9. Minelli, Alessandro (2007): *Forme del divenire. Evo-devo: la biologia evoluzionistica dello sviluppo*, Torino (Einaudi).



10. Moss, Lenny (2003): *What Genes Can't Do*, Cambridge Mass. (MIT Press).
11. Nagel, Ernest (1961): *The Structure of Science: Problems in the Logic of Scientific Explanation*, New York (Harcourt, Brace & World).
12. Popper, Karl R. (1974): „Scientific Reduction and the Essential Incompleteness of All Science”, in: Ayala/Dobzhansky (eds.) (1974), 259-284.
13. Primas Hans (1983): *Chemistry, Quantum Mechanics and Reductionism. Perspectives in Theoretical Chemistry*, Berlin (Springer).
14. Primas, Hans (1985): “Kann Chemie auf Physik reduziert werden?”, in: *Chemie in unserer Zeit* 19, 109-119, 160-166.
15. Rheinberger, Hans-Jörg/Müller-Wille, Staffan (2004), “Gene”, in: *Stanford Encyclopedia of Philosophy* (<http://plato.stanford.edu/entries/gene/>).
16. Rosenberg, Alexander (1985): *The Structure of Biological Science*, Cambridge (Cambridge University Press).
17. Rosenberg, Alexander (1997): “Reductionism Redux: Computing the Embryo”, *Biology and Philosophy* 12, pp. 445-470.
18. Rosenberg, Alexander (2006), *Darwinian Reductionism. Or, How to Stop Worrying and Love Molecular Biology*, Chicago (University of Chicago Press).
19. Sober, Elliott (2000):, *Philosophy of Biology*, 2nd edition, Boulder CO (Westview).
20. Sterelny, Kim/Griffiths, Paul E. (1999): *Sex and Death: An Introduction to the Philosophy of Biology*, Chicago (University of Chicago Press).
21. Waters, C. Kenneth (2006), “A Pluralist Interpretation of Gene-Centered Biology”, in: Stephen H. Kellert/Helen E. Longino/C. Kenneth Waters (a cura di), *Scientific Pluralism*, Minneapolis (University of Minnesota Press), 190-214 (= Minnesota Studies in the Philosophy of Science, Vol. XIX).
22. Weber, Marcel (2008): “Critical Notice: Darwinian Reductionism”, *Biology and Philosophy* 23, pp. 143-152.
23. Wolters, Gereon (1999): “Wrongful Life: Logico-Empiricism’s Philosophy of Biology”, in: Maria Carla Galavotti/Alessandro Pagnini (eds.), *Experience, Reality, and Scientific Explanation. Essays in Honor of Merrilee and Wesley Salmon*, Dordrecht (Kluwer) 1999, 187-208.

Oltre la “Sintesi Moderna”: la soluzione delle antinomie della Biologia del Ventesimo secolo*

Marcello Buiatti

mbuiatti@dbag.unifi.it

Abstract

The aim of this paper is to outline the way biological sciences study the living state of matter. First of all, the relation between biology and reductionistic methodologies is addressed. Reductionism is viewed as directly tied with a mechanistic way of thinking. Second, the *Modern Synthesis* and the *Central Dogma* are critically exposed and discussed. The attention then focuses on alternative research programs such as Lewontin's, Kimura's and Waddington's theoretical and methodological proposals. Moreover, new results in the fields of both Genetics and Molecular Biology allow the author to switch from the informational paradigm to the metaphor of the *network*. Epistemological conclusions are finally drawn in favour of the overcoming of traditional dichotomies, such as chance-necessity, continuous-discrete, dependence-independence, and reductionism-antireductionism.

Keywords: Darwin, evolution, Modern Synthesis, Central Dogma of Biology, Genetics.

1. Darwin e la sua immagine “moderna”

Il dibattito sull'evoluzionismo attualmente in corso e in particolare lo scontro, quasi inedito nel nostro Paese, fra evoluzionisti e creazionisti, ha del surreale perché è tutto centrato su un Darwin che non è mai esistito, attaccato da sedicenti sostenitori di un non meglio specificato “disegno intelligente”. Il lato peggiore della situazione sta nel fatto che tanto chi appoggia Darwin come chi lo combatte, nella maggior parte dei casi o non ha letto bene le sue opere o ne rimuove alcuni contenuti che non sono coerenti con la visione della evoluzione che nel nostro Paese è ancora dominante. Quando non si arriva ad affermare che Darwin attribuiva l'evoluzione ad eventi casuali, si confonde comunque la teoria darwiniana con il neo-darwinismo o, ancora più spesso, con una delle diverse correnti presenti nel grande insieme teorico della “sintesi moderna”, per usare il termine introdotto da Julian Huxley nel volume dallo stesso titolo del 1942.

Charles Darwin, lui, era molto diverso dall'immagine che se ne dà nel dibattito attuale. Era, come è noto, un naturalista ottocentesco non contaminato ancora dalla rivoluzione

* Il presente saggio è tratto dal volume, *Il futuro di Darwin. L'individuo*, a cura di Lorenzo Calabi UTET, Torino 2008.



metodologica e concettuale moderna a cui le Scienze della vita approdarono compiutamente solo nel Novecento. Di conseguenza Darwin basava le sue teorie essenzialmente sulla osservazione della natura in cui le singole unità (organismi, specie) venivano studiate dall'esterno, nella loro interezza. Molto raramente Darwin ha condotto esperimenti allo scopo di dimostrare o eventualmente modificare una sua ipotesi e comunque in quei pochi casi in cui li ha condotti non ha cercato di trarne leggi universali. Anche per questo Darwin rifuggiva dall'uso della matematica o di qualsiasi genere di modellizzazione come si evince da una serie di esempi in cui ha effettuato esperimenti ma non sembra essere stato capace di trarre conseguenze dai dati ottenuti.

È questo il caso di quelli sulla fecondazione di piante provenienti da linee diverse in cui senza rendersene conto ha scoperto il fenomeno del "vigore degli ibridi" ("eterosi") dimostrando che i figli avevano valori di altezza maggiori di ambedue i ceppi parentali. La sua assoluta apertura mentale risulta evidente dalla seguente affermazione nella sua autobiografia:

Per quanto io possa giudicare.... Ho sempre cercato di mantenere la mia mente libera in modo da poter abbandonare qualsiasi ipotesi a prescindere da quanto amata.... Non so ricordare nessuna ipotesi che io abbia formulato che non abbia poi dovuto abbandonare o modificare radicalmente.

Questo atteggiamento ha permesso a Darwin di lasciarci più che una teoria, completa in tutti i suoi dettagli, una visione complessiva della vita e delle sue dinamiche con aspetti che per lui erano facce complementari di sistemi viventi "multiversi" e per questo non facilmente definibili in modo univoco. Non a caso, come è noto, per Darwin le "leggi" della evoluzione, così come sono enunciate nella edizione del 1872 della "Origine" sono:

- La legge dell'accrescimento attraverso la riproduzione
- La eredità praticamente implicita nelle riproduzione
- La variabilità, dovuta all'azione diretta ed indiretta delle condizioni di vita e dell'uso e disuso degli organi
- Un ritmo di accrescimento così alto che porta ad una lotta per la vita e di conseguenza alla selezione naturale.

Diversamente dai neo-darwinisti quindi, Darwin attribuiva un ruolo importante agli effetti dell'ambiente sulla evoluzione senza trovarli contraddittori con la sua originale scoperta della selezione naturale direttamente collegabile con la ereditarietà. Per questo, sempre nella edizione del 1872 della "Origine", si è difeso energicamente dalla accusa di limitare alla selezione naturale le cause del cambiamento degli esseri viventi affermando:

Dato che le mie conclusioni sono state riportate in modo sbagliato ed è stato detto che io attribuisco la modificazione delle specie solo alla selezione naturale mi permetto di notare che nella prima edizione di questo lavoro e dopo, io ho scritto in un brano significativo e cioè alla fine della introduzione, le seguenti parole: Io sono convinto che la selezione naturale sia stata il più importante ma non il solo processo di modificazione.

E ancora, nel 1880, su *Nature* ribadiva lo stesso concetto:

Per quanto mi riguarda io credo che nessuno abbia mai descritto tante osservazioni sull'effetto dell'uso e del disuso quante ne ho riportate io nel mio *La variazione negli animali e nelle piante*, e del resto quelle



osservazioni hanno prodotto una quantità di fatti che provano l'effetto diretto sugli organismi delle condizioni esterne.

Analogamente anche se è probabilmente in parte vero che per Darwin vi è del caso nella generazione della variazione, senza dubbio il caso non la governa interamente se non altro perché i componenti degli esseri viventi non sono indipendenti l'uno dall'altro ma collegati fra di loro e inevitabilmente il legame fra componenti di un sistema costituisce di per sé un vincolo alla casualità. Proprio nella "Variazione" Darwin chiarisce questa questione scrivendo:

La variabilità è regolata da molte leggi sconosciute, la più importante delle quali può essere considerata la legge dello sviluppo correlato. Con questa definizione io intendo dire che le diverse parti di un organismo sono così strettamente connesse che quando avvengono piccole variazioni in una qualche parte e vengono accumulate dalla selezione naturale, le altre parti sono soggette a modificazione.

Un organismo quindi non è il risultato della semplice somma delle sue parti ma un insieme di elementi collegati che costituiscono un contesto e che rispondono a contesti esterni. La variazione di uno degli elementi quindi, comporta effetti anche sugli altri alterando la struttura complessiva dell'organismo. Questa affermazione a mio parere è di grande importanza perché smentisce il postulato "moderno" che definisce un organismo come semplice somma delle parti mentre invece è anche determinato, secondo Darwin, dalla loro interazione e dalla interazione del sistema con il contesto esterno. La variazione non è quindi interamente casuale né del resto completamente deterministica in quanto il risultato di un singolo cambiamento a livello dell'organismo è influenzato dagli altri elementi componenti e dall'esterno ed è quindi almeno in parte imprevedibile. La dipendenza dell'effetto del cambiamento di un componente dalla presenza degli altri apre la strada al concetto di "selezione interna" enunciato molto tempo dopo Darwin da Gregory Bateson nel suo "Mente e Natura". È infatti logico pensare che una modificazione come una mutazione che non sia bene integrata nel contesto pre-esistente può provocare danni all'organismo in cui avviene e comunque diminuirne la fitness per cause "interne" non direttamente legate l'azione selettiva operata dall'ambiente (la selezione naturale).

La concezione che Darwin aveva della vita era quindi unitaria e integrata e non basata su antinomie (caso e necessità, interno ed esterno, eredità e ambiente, indipendenza e connessione ecc.) come invece tuttora si sostiene e appare nella "controfigura" di Darwin che ci viene presentata in gran parte dei testi scolastici ed universitari del nostro tempo.

2. Il processo di frammentazione del ventesimo secolo e la nascita delle antinomie

La "rottura" della concezione unitaria darwiniana e in genere del naturalismo ottocentesco basato sulla osservazione non è di ora ma è avvenuta non a caso all'inizio del Novecento, il secolo appunto della rottura della armonia, della frammentazione, della estensione del metodo riduzionistico già usato in fisica e chimica, alle scienze della vita. Probabilmente anche a causa della mentalità dominante nel periodo delle rivoluzioni industriali, in molti campi dello scibile si tende nel secolo scorso, ad abbandonare la ricerca di teorie unificanti, di sintesi integrate delle conoscenze e ci si rivolge invece alla scomposizione dei sistemi in componenti ed al loro studio come base per l'acquisizione di conoscenza, con l'idea che questo processo



possa portare a comprendere più rapidamente e in modo più approfondito i sistemi naturali. Questo anche per acquisire una maggiore capacità di prevedibilità e soprattutto un controllo migliore della natura, paragonabile a quello che si ha sulle macchine o, in genere sui prodotti materiali dell'ingegno umano. Questi, infatti, non a caso sono costruiti assemblando componenti diversi che non interagiscono l'uno con l'altro e quindi sono uguali a se stessi indipendentemente dal fatto che siano uniti o connessi agli altri.

La tendenza a considerare discreti e indipendenti i componenti di base della natura dei primi del Novecento è esemplificata, nelle scienze della vita, dalla scoperta della natura discreta dei fattori ereditari da parte di Gregorio Mendel, e dalla estensione di questa concezione al processo evolutivo con la "Teoria delle mutazioni" di Hugo De Vries, ma si trova anche in altri campi della conoscenza e della cultura di quella epoca, a dimostrare un legame per me evidente fra scelte, da parte delle scienze e in particolare di quelle della vita, degli oggetti da osservare e dell'angolo visuale da cui osservarli e un contesto sociale in cui le macchine sono viste come sinonimo di progresso. La discontinuità infatti è presente nei primissimi anni del ventesimo secolo nella teoria dei quanti di Max Planck ma anche nella musica dodecafonica con la rottura della armonia e nella pittura, nella tecnica di scomporre i colori in componenti puntiformi dando modo all'osservatore di ricomporli che si trova in alcune correnti vicine all'impressionismo e in particolare nel "Pointillisme" di Seurat.

Più tardi, la rottura come processo dominante di un'epoca è teorizzata in alcune correnti Dada e soprattutto nel futurismo. I futuristi anzi sono probabilmente quelli che meglio degli altri movimenti hanno esplicitato il significato della discontinuità, della frammentazione, della equazione progresso = macchinizzazione. Lo si può desumere dal Manifesto di Marinetti del 1909 e da quello della pittura futurista del 1910, che considerano la rottura e la frammentazione processi necessari e liberatori associando ad esse la violenza e contemporaneamente la glorificazione della "civiltà delle macchine" come si può vedere dalla utilizzazione proprio di una macchina rombante come simbolo del movimento. Nel Manifesto del 1910 il "divisionismo complementare" viene considerato essenziale per la rappresentazione della realtà e la scomposizione del movimento la si trova in molta pittura di Boccioni, Balla ed altri mentre anche la poesia è spesso volutamente "spezzata" in parole. Questi modi di rappresentare la natura e la vita umana possono risultare "gradevoli", come è all'inizio del secolo in Seurat e nei suoi seguaci, ma più spesso vengono usati per interpretare una dura epoca di conflitti, incertezze, rottura con le armonie dell'Ottocento.

Così, mentre i futuristi scompongono i movimenti allo scopo di illustrare la bellezza del progresso "meccanico", una parte degli espressionisti centro-europei e in genere del movimento Dada "urla" il dolore della rottura prefigurando la tragedia immensa della seconda guerra mondiale.

In area scientifica la "discretizzazione" della natura è prima di tutto metodologica ed inizia con l'utilizzazione del metodo riduzionista il cui uso anche nelle scienze della vita era stato auspicato nel "Manifesto dei medici materialisti" già nel 1847 in cui si dichiarava la sostanziale equivalenza dei sistemi viventi a quelli non viventi.



Il primo a usarla concretamente, come si diceva, è probabilmente stato il fisico Gregorio Mendel, precursore, nella seconda metà dell'Ottocento della "rivoluzione" dell'inizio del secolo successivo. Mendel, infatti, scelse di studiare i processi ereditari nella pianta di pisello partendo dalla analisi del comportamento di singoli caratteri presenti in forme alternative discrete, abbandonando così la prassi ad esempio di F. Galton, che invece, con ben poco frutto, lavorava su caratteri a distribuzione continua (il peso, l'altezza, ecc.) analizzati di generazione in generazione, con metodi statistici. La scelta compiuta da Mendel permetteva di contare nelle progenie derivate da un primo incrocio, la frequenza dei "varianti" alternativi di caratteri come il colore del fiore, del baccello, la forma di questo ecc., e di elaborare così leggi probabilistiche che rendessero possibile prevedere la dinamica dei rapporti numerici fra varianti in generazioni successive. Ne risultarono, appunto, le leggi di Mendel da cui discendono alcuni concetti fondamentali sulla struttura – funzione dei corredi genetici degli individui. Mendel tuttavia non si spinse oltre l'esperienza e anzi, non contento di averlo condotto su una sola specie di piante, chiese a un grande botanico contemporaneo (von Naegeli) di indicargliene un'altra su cui ripetere le prove. Purtroppo von Naegeli gli suggerì una specie che non si riproduceva per fecondazione ma produceva falsi semi costituiti da cellule della pianta madre. Per questo le nuove prove di Mendel non dettero risultati positivi perché ovviamente i cosiddetti figli erano tutti uguali ed identici alla madre. Mendel, allora, da bravo e onesto ricercatore quale era, abbandonò gli studi della ereditarietà e riprese a lavorare nel suo campo preferito, quello della modellizzazione matematica dei vortici di aria, oltre a dedicarsi alla apicoltura. Per lungo tempo (evidentemente i tempi non erano maturi) le ricerche dell'abate di Brno restarono sconosciute ai più.

Poi, all'inizio del Novecento i suoi esperimenti furono ripetuti indipendentemente da tre ricercatori che confermarono pienamente i risultati già ottenuti. Fu allora e solo allora che uno dei tre, Hugo de Vries, estese i concetti impliciti nelle leggi di Mendel all'evoluzione elaborando una vera e propria teoria che chiamò "Mutations Theorie" (Teoria della mutazione).

Vediamo ora di analizzare a fondo il processo che, partito da Mendel, il quale aveva lavorato su una sola specie e su alcuni caratteri scelti appositamente per il loro carattere discreto, (Mendel scartò per intenderci i caratteri a distribuzione continua di Galton), portò poi all'elaborazione di una teoria "universale" e cioè potenzialmente valida per tutti gli esseri viventi.

L'operazione compiuta dall'abate di Brno era partita dalla scelta di studiare "una parte del tutto" e cioè i caratteri che si comportavano come discreti, giudicata però come rappresentativi di tutti i caratteri di tutti gli organismi e quindi utilizzabile pienamente per l'elaborazione di una teoria universale. Da questo punto di vista il procedimento mentale era l'opposto di quello compiuto da Darwin che aveva studiato la variazione e l'evoluzione di moltissimi animali e piante e solo dopo un lunghissimo lavoro di raccolta di dati ne aveva tratto "leggi" generali ma non universali perché a detta dello stesso autore erano modificabili con nuove osservazioni. A riprova di questo, Darwin, a differenza di De Vries, non aveva usato la matematizzazione dei risultati come marchio di universalità. In De Vries in realtà, il processo di "scomposizione" dell'oggetto di studio non prevedeva neanche l'assemblaggio di tutte le



conoscenze dei componenti come previsto dal riduzionismo, ma si limitava alla osservazione di una parte di essi dando per acquisito che gli altri si comportassero nello stesso modo.

È utile notare che il metodo della “universalizzazione delle parti” veniva usato da De Vries anche per rifiutare, come di fatto fece, la stessa teoria Darwiniana che non si limitava davvero allo studio della variazione in quanto tale, ma faceva riferimento alla storia a lungo termine degli esseri viventi e alle loro interazioni con l’ambiente.

Non è stato per caso quindi che De Vries abbia contestato il principio stesso della selezione naturale sottolineando invece il ruolo del caso, dato che nei lavori di Mendel e dei suoi riscopritori la distribuzione dei caratteri nel breve periodo di poche generazioni appariva del tutto casuale.

La “teoria neutralista” di De Vries del 1902, che poi è stata ripresa ben 60 anni dopo da Motoo Kimura è basata sul “determinismo stocastico” degli organismi le cui caratteristiche sarebbero interamente determinate dai geni i cui varianti però verrebbero ridistribuiti a caso di generazione in generazione.

Hugo De Vries e i “mendeliani”, prendono quindi dalla teoria darwiniana il solo ruolo del caso che per Darwin era semmai limitato all’insorgere di una parte della variazione (il resto era dovuto all’azione dell’ambiente), vi aggiungono un determinismo assoluto non presente in Darwin e ne traggono una teoria che diventa quindi apertamente anti-darwiniana tanto da attirarsi le ire dei seguaci di Galton. Anche questi, tuttavia, a ben vedere, fanno una operazione non tanto diversa in quanto accettano completamente il determinismo, evidentemente “di moda” all’inizio del secolo scorso, contestando invece la natura discreta dei componenti del patrimonio genetico.

È su questo punto che lo scontro diretto è particolarmente aspro anche perché De Vries, in base ad una serie di osservazioni sperimentali di “mutazioni” che determinavano un cambiamento molto drastico del fenotipo, propose che anche l’evoluzione tutta fosse determinata da un susseguirsi di eventi discreti (i “salti”), attaccando su questo punto Darwin. Questa impostazione “saltazionista” verrà poi abbandonata dai neo-darwinisti anche perché i dati di De Vries erano stati ottenuti su una pianta (l’*Oenothera*) che ha una struttura genetica molto particolare, dovuta al comportamento del corredo cromosomico caratteristico solo di quel Genere .

All’inizio del ‘900 si combattono quindi aspramente due teorie, la mendeliana e quella dei seguaci di Galton, ambedue nate in qualche modo dalla scomposizione del darwinismo di Darwin. Sono in gioco in questo caso le due antinomie caso/necessità e continuo/discreto le cui alternative, nelle opere dell’autore dell’ “Origine”, erano invece anche se non esplicitamente, caratteristiche contemporaneamente presenti nella natura vivente. È in qualche modo la frammentazione del pensiero darwiniano e lo studio di parti separate che portano da un lato ad un aumento di conoscenza ma dall’altro anche al sorgere di antinomie fra chi studia “facce” diverse della vita e ne vuole comunque trarre teorie universali.

Alla frammentazione e scomposizione della teoria Darwiniana si accompagna poi la divisione delle stesse scienze della vita in discipline differenziate che usano modi e tecniche diverse per osservare da diversi punti di vista la natura, guadagnando in profondità ma perdendo le connessioni e la capacità di sintesi di concetti solo apparentemente contrastanti.



Naturalmente questo processo, come tutti quelli della vita, è tutto fuorché lineare e le scienze procedono per antinomie, ma anche per tentativi di sintesi o mediazione. Una sintesi molto variegata e complessa è quella che matura nella prima metà del '900 quando un folto gruppo di genetisti, matematici, naturalisti cerca di conciliare caso e necessità da un lato e discreto/continuo dall'altro.

Julian Huxley, in un famoso volume del 1942 chiama, come è noto, la nuova teoria "The modern synthesis" (La sintesi moderna). La sintesi moderna, o in altre parole, il neo-darwinismo, sarà tuttavia in realtà un corpus teorico molto variegato che verrà assunto come la teoria prevalente della evoluzione, spesso, anche ai giorni nostri confusa con il pensiero di Darwin.

I concetti fondanti di questo insieme del neo-darwinismo possono essere così riassunti:

- a) Totale corrispondenza fra gene e carattere e fra genotipo e fenotipo. Quest'ultimo è completamente determinato dalla somma dell'azione dei geni e dei loro "varianti" (alleli), ognuno indipendente dagli altri. A causa di questa corrispondenza univoca fra fattori ereditari e fenotipo il soggetto della evoluzione di fatto non è più l'organismo (l'individuo vivente) ma il suo corredo genetico e cioè la somma dei suoi alleli.
- b) Evoluzione come processo derivante dalla modificazione continua nel tempo delle frequenze di elementi discontinui (gli alleli) di ogni gene.
- c) Tre processi fondamentali dirigono l'evoluzione che è considerata di fatto essere solo la modificazione delle frequenze all'eliche di generazione in generazione e sono: la selezione naturale, la deriva genetica, la mutazione. La prima agisce facendo prevalere alcuni varianti (alleli) sugli altri in quanto gli individui che ne sono dotati si riproducono di più (hanno cioè una maggiore capacità di adattamento o "fitness"). È in questo caso il contesto (l'ambiente) che determina quali alleli verranno fissati dalla selezione. Il processo è quindi essenzialmente deterministico. Il caso invece governa sia la deriva genetica che si basa su "errori di campionamento" degli alleli, che la mutazione, data dal cambiamento casuale di un allele in un altro e viceversa.

È cioè in b) e c) che sta essenzialmente, secondo i neo-darwinisti, il compromesso derivato dalla somma di eventi interamente casuali (mutazione e deriva) e necessari (selezione), che permette di conciliare i dati di Mendel con la teoria darwiniana operando la sintesi moderna.

Giova sottolineare qui che al "compromesso" raggiunto dalla sintesi moderna fra la teoria di Darwin e le scoperte dei mendeliani nella prima metà del ventesimo secolo se ne aggiunge in realtà un altro, spesso dimenticato, che è diretto a conciliare la natura discreta dei caratteri qualitativi mendeliani con quella di quelli quantitativi studiati da Galton. Il compromesso fra discreto e continuo in questo caso tuttavia, presenta un lato innovativo in quanto mette in gioco l'ambiente come fattore capace di interagire con il fenotipo modificandolo, contrariamente a quanto ritenevano i mendeliani.

La nascente "genetica dei caratteri quantitativi", benché figlia della genetica di popolazioni neo-darwiniana afferma e dimostra che la distribuzione continua dei valori dei caratteri



quantitativi é attribuibile al fatto che questi caratteri sono determinati non da uno ma da un certo numero di geni (“sistema poligenico”) che agiscono tutti sul carattere misurato con contributi quantitativi (in più o in meno, a differenza del SI/NO di quelli qualitativi mendeliani). Inoltre, e qui sta l’innovazione, sul valore risultante l’ambiente influisce ancora in modo non prevedibile rendendo sempre più continua e di tipo gaussiano la distribuzione dei valori del carattere in esame. Ma i genetisti di caratteri quantitativi si distinguono dai popolazionisti anche per un’altra innovazione che smentisce chiaramente il concetto di indipendenza dei geni e conferma invece la legge darwiniana della variazione correlata.

Il “ritorno a Darwin” deriva in questo caso dal fatto che la genetica quantitativa era nata essenzialmente con lo scopo di applicare le conoscenze genetiche al miglioramento, per selezione, degli animali e delle piante, processo che comportava l’osservazione degli organismi interi che erano i soggetti della produzione agricola. Fu così che si notò che il miglioramento di un carattere (ad esempio la produzione di latte nei bovini) comportava automaticamente il peggioramento di altri (in questo caso quello di carne). Questo dato portò alla elaborazione di nuovi strumenti di analisi statistica che permettevano di studiare, oltre che l’incidenza del genotipo sui valori dei singoli caratteri fenotipici, anche le correlazioni ereditabili fra caratteri diversi. È interessante notare che questa impostazione, pur concettualmente diversa da quella dei genetisti di popolazioni, non portò a conflitti di sorta per uno strano processo di rimozione da parte di questi ultimi che considerarono generalmente la genetica di caratteri quantitativi come una branca di scarso interesse teorico e invece di utilità notevole sul piano applicativo. Paradossalmente, questa “scissione di pensiero” era presente anche in singole persone, tanto che alcuni neo-darwinisti che si occupavano anche di caratteri quantitativi, hanno continuato a sostenere a lungo il determinismo stocastico di mendeliana memoria e la natura indipendente e discreta dei geni. Questo, a mio parere, è un esempio paradigmatico, di come la biologia sperimentale moderna abbia un potere euristico enorme, ma anche di come talvolta non sia sufficiente da sola a stimolare il passaggio dai dati e dal loro significato immediato ai concetti, soprattutto se questi appaiono in contrasto con le idee prevalenti all’interno della comunità scientifica.

Nel caso particolare delle due branche della genetica di cui si è discusso, per queste ragioni i concetti derivanti dalle due diverse aree di studio non sono stati confrontati in modo da “falsificarli” reciprocamente in modo da ottenere una vera sintesi.

La relativa rigidità del primo neo darwinismo, che in seguito si frammenterà ulteriormente in sub-teorie, è confermata dal fatto che il cosiddetto compromesso o “sintesi” che dir si voglia, in realtà non risolveva le antinomie fra caso e necessità, continuità e comportamento discreto ma semplicemente ammetteva che ambedue i corni del dilemma e cioè casualità completa e totale determinismo fossero presenti nel processo evolutivo e lo stesso fosse vero per la antinomia fra continuità e discontinuità. In questo quadro, l’influenza non meglio specificata dell’ambiente serve quindi solo a migliorare l’interpretazione delle distribuzioni continue dei caratteri quantitativi ma i risultati statistici ottenuti non vengono collegati al concetto di interazione. Le cose cambiarono negli anni ’60 del secolo scorso quando le tecniche della biochimica permisero di ottenere dati poco compatibili con il neo – darwinismo classico. Secondo la teoria prevalente di cui R.A. Fisher continuò ad essere difensore, la selezione



naturale dovrebbe scartare continuamente gli alleli meno vantaggiosi e tenderebbe quindi a rendere ottimali e sempre più omogenee le popolazioni riducendo progressivamente la variabilità.

Ora, proprio negli anni '60 diventarono di uso corrente metodi relativamente semplici di analisi delle proteine che permettono stime precise della variabilità (il numero dei varianti di singole molecole) presente in una popolazione. I dati così ottenuti su una serie di specie animali e vegetali sorpresero la comunità scientifica di allora perché dimostrarono la presenza di una variabilità assolutamente non prevista visto il supposto potere omogeneizzante della selezione. Questo fatto determinò la formulazione di tre diverse sub teorie dell'evoluzione. Alcuni continuarono a considerare la selezione naturale come causa prevalente del cambiamento e non giunsero mai a proporre una vera spiegazione dell'apparente paradosso. Altri e in particolare la scuola giapponese iniziata da Motoo Kimura attaccarono frontalmente Darwin e il darwinismo riallacciandosi di fatto a De Vries e affidando a fenomeni puramente casuali l'evoluzione.

A questa teoria "neutralista" si oppose una serie di ricercatori fra cui, in particolare, I.M. Lerner, R. Lewontin, Th. Dobzhansky. Il primo di questi genetisti si era occupato anche dei caratteri quantitativi dei polli, mentre Dobzhansky era un genetista sperimentale che lavorava su popolazioni naturali di specie diverse di *Drosophila* (il moscerino dell'aceto, per molto tempo animale modello della Genetica). Fu però Lewontin che, mantenendosi nell'ambito del darwinismo, propose una nuova soluzione al problema che si era posto ed elaborò la cosiddetta "teoria della selezione bilanciata". Il dato da cui il ricercatore americano è partito era quello della cosiddetta "eterosi" il fenomeno per cui gli organismi sono più vigorosi se posseggono contemporaneamente due alleli diversi per un numero consistente di geni, se sono cioè, come si dice, ad "alta eterozigosi". Il "vigore ibrido" era stato in realtà scoperto diverso tempo prima nella piante da Shull e fu confermato nei polli dallo stesso Lerner. Questi, inoltre osservò che il maggior vigore derivava da una maggiore stabilità durante la vita degli individui "eterotici" dimostrando che il possesso di due "diverse strade" percorribili date dai due alleli permette di usufruire di un maggiore "potere tampone" nei confronti dei cambiamenti del contesto. Lo stesso Dobzhansky contemporaneamente osservava che in alcune specie di *Drosophila* si era addirittura fissato un raffinato sistema cromosomico che permetteva di mantenere un alto livello di eterozigosi.

Da tutto questo emergono, insieme al ritorno alla selezione darwiniana, il concetto della interazione non additiva dei geni e degli alleli e quello del vantaggio "di per sé" della variabilità genetica, esattamente il contrario di quanto sosteneva R.A. Fisher per il quale l'obiettivo dell'evoluzione era invece la totale "omozigosi" (lo stesso allele in due copie per ogni gene).

Le tre sub – teorie (neutralista, selezionista classica , della selezione bilanciata) di fatto frammentarono il neo – darwinismo in tre correnti di pensiero, delle quali le prime due probabilmente non a caso erano state iniziate da due matematici, mentre solo la terza era frutto di reale lavoro sperimentale. A queste ricerche si ricollegò un altro matematico (Sewall Wright) che lavorava in particolare in collegamento con Dobzhansky e considerato uno dei tre fondatori del neo – darwinismo insieme a J. B. S. Haldane e il già citato R. A. Fisher.

L'evoluzionismo di Wright differiva da quello di Fisher per una serie di concetti fondamentali. Il baronetto inglese infatti aveva sviluppato la sua teoria matematica partendo dal presupposto



che l'ambiente restasse costante nel tempo e che quindi l'evoluzione fosse un movimento lineare verso l'ottimizzazione dell'adattamento all'ambiente con la fissazione, come già detto prima, solo degli alleli migliori.

Per Fisher, di fatto, ad adattarsi non erano né il fenotipo né il genotipo, ma i singoli alleli dei geni i cui effetti, sommandosi, determinavano in modo univoco la fitness. S. Wright anche per il contatto stretto con gli sperimentali, ben sapeva che l'ambiente non è davvero costante e che diverse combinazioni di alleli possono raggiungere, grazie alle interazioni che creano nel genotipo, lo stesso livello di fitness, mentre un genotipo solo è diversamente adattato ai vari cambiamenti. Non c'è quindi per Wright un valore di fitness assoluto, valido dappertutto per i singoli genotipi ma ve ne sono diversi a seconda del contesto. È impossibile quindi giungere all'ottenimento sia per via naturale che con la selezione artificiale, di un genotipo ottimale con fitness altissima in tutti gli ambienti. Quest'ultimo concetto era, ed è ancora, in contrasto con la visione di molti selezionatori, nonché anche di quella parte della opinione pubblica che crede fermamente nell'eugenetica.

Si sarà notato che le teorie di cui ho parlato fino ad ora sono nate tutte nell'alveo del neo-darwinismo, ma ognuna è in qualche modo diversa dal pensiero darwiniano anche se ne accetta una parte. In tutte poi, il soggetto dell'evoluzione è essenzialmente il genotipo con la sola eccezione, almeno in parte, della posizione di Lerner e di Lewontin che non consideravano il fenotipo come la diretta "traduzione" dei geni.

Non a caso sono stati due studiosi della genetica di sviluppo degli animali che, in epoche e in modi diversi hanno cercato di dare al fenotipo e cioè agli "organismi interi", il ruolo di soggetti dell'evoluzione, rimettendo contemporaneamente in gioco il ruolo dell'ambiente non solo come filtro della selezione, ma anche come causa dei cambiamenti che si verificano nell'organismo durante il suo ciclo vitale. Il primo "eretico" fu Richard Goldschmidt, fautore, nel suo volume del 1937, di una originale ipotesi saltazionista della evoluzione, che indicava nella rottura dell'equilibrio interno fra i componenti interattivi degli organismi la causa della nascita di individui nettamente diversi dai precedenti, passibili di dare origine a una nuova specie. Secondo Goldschmidt, organismi che abbiano subito una mutazione dagli effetti devastanti, ma non letali, che egli chiamò con il nome poetico di "*hopeful monsters*" ("mostri speranzosi"), deriverebbero dal cambiamento di componenti chiave della rete genica e riporrebbero la loro "speranza" di sopravvivenza nell'adattamento del resto di questa alla mutazione iniziale. Richard Goldschmidt non ebbe vita facile in un mondo completamente dominato dal neo-darwinismo classico, sorte questa comune ad altri antesignani di una rivoluzione concettuale che diventerà matura nella Biologia soltanto nel terzo millennio. Non fu però Goldschmidt ma Conrad Hal Waddington a proporre apertamente la formulazione di un "paradigma fenotipico" contrapposto a quello basato solo sul corredo genetico dei neo-darwinisti dominanti. Per Waddington ogni organismo possiede un suo corredo di "strumenti" genetici utilizzabili ed ereditabili che però non lo determinano ma gli permettono di compiere il suo percorso vitale nell'ambito di un "paesaggio epigenetico" e cioè all'interno di un fascio molto ampio, ma non infinito, di scelte determinate dall'interazione fra l'organismo e il contesto in cui si muove la sua storia. Intanto, poco prima che Waddington elaborasse la sua nuova proposta, la nascente Biologia molecolare aveva permesso la scoperta del DNA,



genialmente prevista ancora una volta da un fisico, Erwin Schrodinger, alcuni anni prima. Nel 1953 fu anche scoperta la sua struttura molecolare allo stato cristallizzato e, coerentemente con la tendenza alla “universalizzazione” di dati ottenuti su un singolo oggetto (il DNA allo stato cristallino), fu considerata come *la struttura* del DNA in qualsiasi contesto.

L’osservazione di una delle forme possibili del DNA (non davvero la sola come vedremo in seguito) e la sua assunzione al rango di “universale” permise a uno degli scopritori (Francis Crick) di formulare quello che lui stesso chiamò un po’ seriamente, un po’ per scherzo, il “Dogma centrale della genetica molecolare”. Nell’articolo in cui si enunciava il Dogma, si faceva riferimento a quanto aveva scritto proprio Schrodinger, nel suo volume intitolato “Cos’è la vita” del 1942, in cui prevedeva l’esistenza di una macromolecola capace di trasferire la sua “informazione” alle proteine, gli strumenti della vita. Il Dogma centrale, amplia e irrigidisce questa concezione introducendo un nuovo elemento di determinismo quando afferma che quanto è “scritto” nel DNA viene fedelmente trascritto in un altro acido nucleico (RNA) e altrettanto correttamente tradotto in proteine. In queste affermazioni viene esclusa ogni influenza dell’ambiente e della storia di vita, ma si propone invece la “metafora informatica” (E. Gagliasso, 1998) e cioè di fatto la trasformazione, nell’immaginario scientifico, degli esseri viventi in computer dotati di un unico e solo programma. La reificazione dell’idea di DNA indurrà in seguito Jacques Monod a chiamare il DNA “invariante fondamentale” della vita. Questa proposta, insieme dogmatica e rivoluzionaria è stata accolta con enorme favore da un contesto sociale che vedeva (e purtroppo vede ancora) il progresso come un processo continuo verso la “macchinizzazione” del Mondo e quindi la sua ottimizzazione (le industrie infatti tendono, e loro a buona ragione, a costruire un unico modello di macchina “ottimale” e cioè vendibile in tutto il Mondo).

Può essere qui interessante notare, soprattutto da un punto di vista sociologico, che questo semplice concetto è ancora largamente prevalente nel “buon senso comune” anche nel momento in cui scrivo, nonostante che negli anni successivi al Dogma centrale ci siano state, come abbiamo visto, una serie di “eresie” e il Dogma stesso ormai sia stato smentito da una serie di dati sperimentali ottenuti in questo inizio del terzo millennio di cui parlerò dettagliatamente in seguito.

Il processo di cristallizzazione della visione ancora prevalente nasce senza dubbio dall’incontro fra le scienze della vita ed il contesto concettuale esterno, ma deriva, all’interno stesso della Scienza, dagli effetti secondari dell’impostazione riduzionista iniziale, anche se poi è stato proprio l’uso del potentissimo metodo riduzionista e delle macchine che ha permesso di ottenere risultati sperimentali rivoluzionari.

La semplificazione riduzionista basata sullo studio di sistemi diversi, tutti teoricamente universalizzabili, “smontati” nei loro componenti, ha di fatto portato alla frammentazione delle Scienze della vita che nell’Ottocento erano invece unitarie come testimonia l’opera di Darwin. Sono sorte di conseguenza una serie di discipline indipendenti ognuna delle quali mira alla conoscenza di leggi universali pur lavorando su singoli componenti o organismi diversi, a diverso livello di organizzazione e di complessità (molecole, virus, batteri, piante, animali, uomo), con metodi molto differenziati e quindi con ottiche estremamente eterogenee.

L’oggetto che si osserva è in particolare di grande importanza per l’interpretazione dei dati ottenuti e soprattutto per l’elaborazione di leggi che dovrebbero riguardare la vita nel suo



complesso. È abbastanza ovvio infatti che chi della vita osserva solo molecole ne ricava tendenzialmente una visione fortemente deterministica, anche soltanto perché ha difficoltà a cogliere le interazioni a livello superiore di organizzazione. Chi invece studia organismi complessi dall'esterno come avviene nelle Scienze naturali e chi si occupa di sistemi costituiti da aggregazioni complesse come gli ecosistemi, o la stessa Biosfera, userà inevitabilmente metodi diversi e giungerà probabilmente a una visione del mondo vivente non facilmente confrontabile con la prima. Non a caso Fisher era un matematico e dissentiva da Sewall Wright che aveva una formazione diversa ed era legato e biologi sperimentali. Waddington invece era un embriologo e un genetista che si occupava di sviluppo e non a caso ha privilegiato il fenotipo come fonte di dati e concetti. Watson e Crick lavoravano su una sola molecola, il DNA che per loro non poteva che essere il centro unico della vita, Jaques Monod aveva sempre studiato organismi relativamente semplici come i batteri quando ha sviluppato la sua visione meccanica, mentre Goldschmidt era uno studioso dello sviluppo ecc.

Questa frammentazione in diverse discipline, in ognuna delle quali si elaboravano teorie locali ritenendole universali è stata probabilmente una delle cause principali della tendenza a ragionare per antinomie rigide apparentemente non conciliabili.

Anche nel dibattito attuale di fatto si tende a contrapporre caso a necessità come è stato fatto da Jacques Monod, controllo genetico ad effetti dell'ambiente nella determinazione della storia di vita, indipendenza e additività dei componenti dei sistemi biologici a strutture a rete a interazioni non lineari, continuità a discontinuità dei processi. Contemporaneamente, chi si occupa di evoluzione, esplicitamente o implicitamente, considera a seconda della area disciplinare in cui opera, diversi livelli di organizzazione della vita come soggetti del processo di cambiamento.

Per fare qualche esempio, i neo-darwinisti classici vedono l'evoluzione come cambiamento di frequenze alleliche e considerano quindi come unità evolutiva esclusivamente i geni, gli studiosi dello sviluppo mettono in primo piano gli organismi, chi opera nell'ambito delle scienze naturali mette in primo piano il ruolo delle specie, gli ecologi studiano l'evoluzione degli ecosistemi ecc.

3. La rivoluzione del terzo millennio e la soluzione delle antinomie

Il terzo millennio si è aperto con la "lettura" del primo genoma eucariote, quello umano, condotta con l'ausilio di macchine sofisticate e potenti capaci di "leggere" la sequenza di nucleotidi di lunghe stringhe di DNA in tempi che allora venivano considerati estremamente brevi (le macchine di ora sono molto più veloci ancora).

Fino dai primi tentativi di comprendere la funzione delle diverse sequenze decifrate ci si accorse che molti concetti sulla struttura e funzione del nostro corredo genetico andavano cambiati e in particolare che il ruolo dei geni, come li avevamo considerati fino a quel punto andava ridimensionato.

Si avviò così, paradossalmente con il trionfo del metodo riduzionista, un processo che ha portato alla sconfitta delle teorie meccaniche e quindi della ideologia dallo stesso nome, e alla possibile soluzione delle antinomie di cui si è parlato, verso una nuova visione della vita.



Un processo analogo in verità era cominciato molto prima in fisica con la nascita di un'intera nuova area di ricerca, quella della fisica dei sistemi complessi, che già negli anni Ottanta del secolo scorso aveva portato a rimettere in discussione, purtroppo non da parte di molti biologi sperimentali, alcuni concetti biologici. Questa stessa discussione si è trasferita ora nella Biologia e ha permesso di affrontare con una nuova ottica il dibattito del ventesimo secolo a cominciare proprio dall'antinomia fra caso e necessità, elemento fondante del già citato libro di Monod che può essere considerato la Bibbia del pensiero biologico moderno.

Proprio i fisici, infatti, sanno bene che in natura non esistono né sistemi completamente casuali né completamente deterministici. Sono invece state sviluppate e vengono usate in tutto il mondo tecniche di modellizzazione e analisi matematica che permettono di stimare il rapporto stocasticità/vincoli e anche di indicare strade possibili per individuare la natura materiale di questi ultimi nei sistemi biologici. Lo studio di un numero molto ampio di sistemi viventi ha dimostrato che le loro strutture/funzioni e le storie di vita sono sempre intermedie fra casualità e determinismo totali.

Inoltre si è dimostrato che le funzioni matematiche che permettono di descrivere la vita e di individuare le caratteristiche dei vincoli presenti (correlazioni a corto e lungo raggio, periodicità, ecc.) sono generalmente "scale invarianti", cioè indipendenti dalla scala su cui si compie la osservazione (Marco Buiatti, 2006).

Per fare un esempio delle informazioni che si possono ottenere da analisi matematiche di questo tipo scegliamo lo studio della distribuzione di basi (le "lettere" A,T,G,C) del DNA in sistemi viventi situati a diversi livelli della scala evolutiva e nelle diverse aree funzionali dei genomi, in termini di rapporto fra determinismo e stocasticità. La scelta è abbastanza ovvia perché il DNA dei diversi organismi è la memoria storica di quanto è successo durante l'evoluzione e allo stesso tempo la base materiale di moltissimi processi biologici, per cui sono proprio i vincoli che ci possono indicare quante e quali parti dei genomi sono state conservate e quante cambiate durante l'evoluzione per giungere poi eventualmente alla caratterizzazione delle funzioni delle sequenze mantenute costanti.

Questi dati possono risultare particolarmente interessanti alla luce del fatto che solo lo 1,5% del nostro genoma è costituito da DNA che porta la informazione per proteine, mentre il restante 98,5% ha funzioni in gran parte ignote anche se si pensa che sia essenzialmente utilizzato per la regolazione dei geni secondo la loro definizione classica.

Le individuazioni di regole (non di leggi) di distribuzione dei vincoli lungo le sequenze "non geniche" ("non codificanti") e la localizzazione delle zone conservate permetterebbe quindi di aiutare a comprenderne la funzione. Ebbene, tutte le analisi condotte fino ad ora (vedi Marco Buiatti, 2006 per una sintesi, Buiatti e Buiatti, 2002, 2004, Buiatti et al. 2004) hanno dimostrato che le sequenze codificanti sono più "vincolate" di quelle dei geni classici e che in genere la distribuzione delle basi nei genomi degli eucarioti (animali e piante) è nettamente meno casuale di quella che si trova nei virus e nei batteri.

In particolare negli eucarioti sono frequenti sequenze "a bassa complessità" costituite da una o più "lettere" ripetute più volte ma ci sono anche piccole sequenze specifiche ("parole", "motivi") a monte o dentro i geni, diverse a seconda di quando durante il ciclo vitale, quanto e dove questi si devono esprimere. Ora, il DNA come ho anticipato, possiede la struttura scoperta da Watson e Crick nel 1953 solo se cristallizzato, mentre negli esseri viventi esso può



assumere anche forme diverse lungo la stringa a seconda della composizione locale in basi e del contesto fisico-chimico in cui si trova.

Questo fatto è di estrema rilevanza in particolare per la ricezione di “segnali” che provengono dall’interno e dall’esterno delle cellule e regolano il funzionamento dei geni in modo che la cellula risponda alle esigenze dell’adattamento al contesto in cui si trova.

I “segnali” che arrivano al DNA sono in realtà proteine che costituiscono l’elemento terminale di una catena facente capo ad altre molecole dello stesso tipo situate sulla membrana della cellula e in grado di recepire direttamente i segnali esterni (si chiamano infatti recettori). L’attivazione e l’intensità di espressione dei geni dipendono proprio dalla formazione di complessi fra le forme complementari delle proteine segnale e delle specifiche sequenze di DNA che si trovano a monte di essi.

Il DNA infatti, è una macromolecola del tutto inerte se non è “accesa” dai segnali ed è proprio accendendo alcuni geni e spegnendone altri, o comunque modificando la loro azione, che gli organismi possono cambiare continuamente il loro programma in risposta alle variazioni del contesto.

Il fatto stesso che le forme delle due molecole (il segnale e la sequenza di DNA con cui deve complessarsi) devono essere complementari per funzionare, costituisce un vincolo evidente alla stocasticità della distribuzione di basi. Altri vincoli, in particolare numerosi negli eucarioti, sono costituiti dalla necessità di formazione di complessi anche fra RNA (trascritto da DNA) e proteine segnale, fra DNA e le proteine strutturali che danno la forma ai cromosomi e fra RNA e DNA, tutti con funzioni di regolazione e di “scelta” su quali proteine produrre in diversi contesti, con che intensità e anche in che tessuto nel caso di organismi superiori.

Se è vero che i vincoli alla stocasticità formati durante la evoluzione derivano dalla necessità di interazione fra componenti dei sistemi viventi, è chiaro che questi non sono indipendenti l’uno dall’altro, ma il cambiamento di un partner di una interazione comporta, per il mantenimento della funzione, anche il cambiamento dell’altro o degli altri coinvolti.

Questo ragionamento è valido per il rapporto fra macromolecole ma anche nel caso di prodotti della azione delle proteine enzimatiche e in genere del metabolismo in cui praticamente ogni composto chimico è derivato da un altro e può essere trasformato in un altro ancora.

Questa è di fatto una lettura aggiornata della legge darwiniana della variazione correlata, che si applica a tutti i livelli di organizzazione, dalle molecole, alle cellule, agli organismi, alle popolazioni, agli ecosistemi, alla biosfera.

Le attività dei componenti dei sistemi viventi a qualsiasi livello si faccia riferimento, sono infatti collegate in rete e il comportamento di ogni elemento ne induce altri in componenti diversi dello stesso sistema ed ha influenza anche su i livelli gerarchici diversi in cui è inserito. Naturalmente questa è una regola generale, non una legge universale, per cui ci sono anche elementi che si comportano indipendentemente da altri, come ad esempio i geni che controllano i caratteri appositamente scelti per la loro natura discreta e la loro indipendenza da Gregorio Mendel.

Il lavoro del fondatore della Genetica non è quindi sbagliato, i caratteri da lui studiati si comportano veramente come nei suoi esperimenti, sbagliata è piuttosto l’estensione a tutti i geni in tutte le situazioni dei risultati ottenuti. In altre parole, la vita è veramente “multiversa”



nel senso che caratteristiche apparentemente contraddittorie possono coesistere anche in uno stesso sistema.

È così che convivono in ogni sistema vivente l'armonia fra i componenti dovuta ai vincoli fissatisi durante l'evoluzione e la variazione, senza la quale non vi è adattamento alle continuamente diverse condizioni ambientali e ai danni che inevitabilmente si verificano all'interno degli organismi.

Come bene diceva Darwin, infatti, la variazione è la base dell'evoluzione e dell'adattamento durante i cicli vitali. Quelli che Darwin non conosceva e non poteva conoscere erano i modi con cui si genera la variabilità e le caratteristiche di questa nei diversi gruppi di organismi. Darwin, come si è detto, lasciava aperte tutte le strade ma non poteva nemmeno prevedere che le strategie di microrganismi, animali, piante ed esseri umani fossero radicalmente diverse anche se tutti gli esseri viventi hanno sviluppato modi e strumenti adeguati per cambiare ("generatori di variabilità") e metodi raffinati per scegliere quale parte di questa variabilità utilizzare di momento in momento, di contesto in contesto.

È la scoperta, molto recente, di queste diverse strategie che impedisce la formulazione di una teoria dell'evoluzione che valga per tutti gli organismi, confermando invece la grande multiversità di questi. Sappiamo adesso ad esempio che i batteri utilizzano per adattarsi soprattutto la variabilità genetica e durante l'evoluzione si sono "forniti" di sofisticati processi che permettono di aumentarne la quantità in condizioni di stress.

Un sistema noto da questo punto di vista è quello che si basa sul gene RpOs che "percepisce" lo stress e risponde ad esso attivando "geni mutatori" che a loro volta aumentano la frequenza di mutazione in una serie di altri geni alcuni dei quali sono utilizzabili per fare fronte al pericolo.

Sia ben chiaro: la attivazione di RpOs non determina l'aumento di frequenza solo delle mutazioni utili per l'adattamento, ma solo del numero di mutazioni per generazione (la vita di un batterio dura solo poche decine di minuti) anche se le frequenze di mutazione non sono uguali per tutti i geni. Questo dato chiarisce intanto che le mutazioni non sono eventi totalmente casuali come ancora si crede e purtroppo si insegna in genere, ma smentisce allo stesso tempo l'ipotesi neo-lamarckiana della induzione diretta da parte dell'ambiente di mutazioni specifiche. I batteri, inoltre, sono in grado di scambiare porzioni consistenti di genoma non solo all'interno della stessa "specie" (le virgolette stanno a significare che il concetto stesso di specie si applica male ai batteri), ma anche fra specie relativamente lontane dal punto di vista filogenetico. Animali e piante, a differenza dei batteri, hanno cicli vitali lunghi e devono affrontare quindi molti cambiamenti del contesto, hanno genomi molto più grandi di quelli batterici, e hanno sviluppato processi che permettono di cambiare continuamente il programma durante la vita per far fronte ai cambiamenti di contesto, naturalmente nell'ambito della plasticità permessa dai loro "strumenti".

I generatori di plasticità in questo caso sono veramente molti. A livello genetico ogni genoma di eucariote contiene sequenze dette "ipervariabili" che sono strutturate in modo tale da mutare con alta frequenza. Questo è ad esempio il caso dei geni per le immunoglobuline che sono essenzialmente gli stessi di generazione in generazione ma mutano con altissima frequenza durante la maturazione delle cellule preposte alla risposta alla risposta immunitaria alle innumerevoli aggressioni che subisce l'organismo. È infatti questa enorme variabilità che ci



permette di contrastare attacchi di innumerevoli microrganismi e di reagire a sostanze anche prodotte dall'uomo che sarebbero altrimenti dannose. Il sistema come si vede non è tanto lontano da quello di RpOs ma le mutazioni si verificano in linea somatica e non investono la linea germinale.

Negli eucarioti però oltre alla possibilità di plasticità derivante dalla alta frequenza di mutazioni in particolari sequenze si sono fissati processi molto complessi che determinano in vario modo alti livelli di ambiguità da parte dei geni.

È per questo che nel nostro caso i 23000 geni presenti nel nostro genoma sono in grado di fornire l'informazione per centinaia di migliaia di proteine fra cui vengono "scelte" nei diversi contesti quelle che servono per adattarsi. La scelta, anche in questo caso viene fatta utilizzando un sistema di trasduzione di segnali simile a quello già descritto precedentemente, che si basa anche qui sulla formazione di complessi fra proteine e DNA ma anche fra proteine ed RNA. Gli RNA (acido ribonucleico) sono una classe di molecole che sta assumendo un significato sempre maggiore mano a mano che si scoprono le funzioni del DNA non codificante, una parte molto consistente del quale viene trascritto in RNA ma poi non tradotto in proteine. Appare così ancora più chiaro che in noi come nelle piante e negli altri animali, ancor più che nei batteri è del tutto falso che ogni organismo abbia un solo programma a disposizione. Si può dire anzi, che se ne avesse solo uno sarebbe morto, e morte sono infatti tutte le macchine costruite, loro sì, con un solo programma, dall'uomo.

Anche l'antinomia genotipo fenotipo quindi si risolve con il semplice concetto di interazione non additiva e si conferma che i limiti entro cui si muove ogni percorso (i vincoli) derivano dall'interazione (dal "riconoscimento") fra segnali esterni e componenti dei sistemi viventi. Ed è ancora una volta l'interazione che spiega il fatto che i cambiamenti evolutivi non hanno sempre la stessa velocità come è stato dimostrato da S.J.Gould e J.Eldredge nel senso che ci possono essere periodi di cambiamento praticamente nullo e poi improvvise accelerazioni (i cosiddetti salti).

Il chiarimento delle ragioni di questi due comportamenti apparentemente contraddittori ci viene dall'analisi delle strutture delle reti viventi, oggi oggetto di un'intera nuova disciplina, la "Biologia dei sistemi". Si sa adesso che le reti viventi hanno tutte più o meno la stessa struttura caratterizzata dalle connessioni fra i componenti dei sistemi. Queste, al solito, non sono casuali ma generalmente, come ho già accennato, la loro organizzazione non dipende dalla scala ed ha una struttura molto simile in tutti i sistemi viventi, anche a prescindere dalla scala gerarchica a cui si compie la osservazione, dalla cellula alla biosfera.

Questo avviene anche per le reti relative alle attività umane ed ai nostri rapporti sociali tanto che i primi lavori che hanno dimostrato questa regola sono stati condotti analizzando le compresenze di diversi attori in un numero elevato di film e questa ipotesi è stata poi confermata nel caso delle reti di imprese, di quelle delle organizzazioni terroristiche, del nostro cervello e persino nella struttura del world wide web che non a caso è opera umana. Si tratta praticamente in tutti questi casi, di una struttura a moduli collegati fra di loro costituiti ognuno da un componente "principale" legato a molti altri che comunicano con quelli di moduli diversi attraverso di esso. Tutta la rete è sempre dinamica e plastica ma contemporaneamente è



regolata armonicamente nel senso che tutti i singoli elementi possono cambiare ma entro limiti determinati dalla presenza degli altri co-evolutisi con loro armonicamente.

Nella dinamica del processo evolutivo si verificano continue modificazioni in diversi punti della rete, che vengono controbilanciate da altre in altri componenti mantenendo complessivamente l'equilibrio esistente. Può però accadere che vi sia un cambiamento drastico in uno o più elementi collegati con molti altri e cioè in un "nodo principale".

In questo caso l'organismo può non essere in grado di reggere il cambiamento perché questo investe tutti i nodi collegati a quello cambiato e quindi a una parte consistente della rete, o può invece diventare un "mostro speranzoso" alla Goldschmidt.

Questo sarebbe quindi assimilabile a un organismo, come si è accennato in precedenza, che ha subito una modificazione importante ma non letale e quindi riesce a riprodursi, ma ha bisogno di ristabilire una nuova armonia ed una sufficiente capacità di riparo dei danni che ciascuno di noi subisce durante la vita, di riorganizzarsi e cioè di fatto di intraprendere un nuovo percorso evolutivo. Molti dei "mostri speranzosi" non ce la fanno ma alcuni danno origine a nuove specie restando isolati dal punto di vista riproduttivo dalla precedente o comunque alterano profondamente il loro comportamento e soprattutto la loro strategia adattativa. Probabilmente un buon esempio di questo processo può essere considerata proprio l'evoluzione della nostra specie che di fatto ha inaugurato una strategia di adattamento del tutto originale e diversa da quelle usate dagli altri animali.

Questa ipotesi, che può apparire peregrina, sembra invece avvalorata dai dati più recenti sulle differenze fra noi e i primati a noi vicini (scimpanzé, bonobo, gorilla, orangutan). Se si analizzano i genomi di questi infatti, si scopre che assomigliano moltissimo al nostro (le differenze fra noi e lo scimpanzé sono dell'ordine dello 1%-3%).

Inoltre, e su questo tornerò, la nostra quantità di variabilità è molto minore della loro, nonostante che noi siamo enormemente più numerosi (oltre sei miliardi a fronte di poche migliaia dei nostri "cugini").

Recentemente si è cominciato a capire come mai nonostante le nostre grandi differenze di comportamenti e modi di vita dagli altri primati, i nostri genomi sono tanto simili. La risposta in realtà era abbastanza ovvia ed ora sembra avere trovato conferma: nella nostra evoluzione una parte molto piccola del nostro corredo genetico ha giocato un ruolo molto importante. Questa parte, non poteva essere altrimenti, ha essenzialmente a che fare con il nostro cervello come risulta dal fatto che alcuni geni che regolano questi caratteri si sono evoluti molto più rapidamente in noi che negli altri, sia per la porzione codificante che per le zone regolatrici dell'espressione. Questi geni hanno a che fare non a caso, da un lato con la percezione dei segnali e dall'altro con l'accrescimento dopo la nascita della corteccia cerebrale, essenzialmente attraverso l'aumento del numero di connessioni (sinapsi).

Mentre le altre specie hanno occupato diverse aree del globo adattandosi ai nuovi ambienti per via genetica, noi che siamo ormai da molto tempo la specie di gran lunga più "generalista" mai esistita sulla Terra, abbiamo modificato gli ambienti in cui ci siamo spostati, mantenendo praticamente inalterato il nostro patrimonio genetico originario e differenziandoci invece per culture. Tutto questo è avvenuto in un periodo di tempo molto breve che si può stimare a circa 100.000 anni a partire da un'unica, piccola, popolazione africana, la cui variabilità originaria, proprio per la sua piccolezza era piuttosto limitata. Questo comportamento è stato reso



possibile dall'enorme capacità di archiviazione ed elaborazione di informazione del nostro cervello. Questo può utilizzare ben cento miliardi di neuroni, a fronte di soli 23000 geni e fra questi si possono formare un milione di miliardi di connessioni diverse dando al sistema una plasticità veramente straordinaria.

Ancora oggi, nonostante la letale recente tendenza all'omogeneizzazione delle società attuali, conosciamo ancora quasi 7000 linguaggi diversi, indicatori dell'esistenza di almeno altrettante culture e comunità.

Si può quindi pensare, mettendo insieme questi dati, che ci sia stato un qualche cambiamento importante in alcuni geni che interessano le funzioni cerebrali su cui si sia innestato un rapidissimo progresso selettivo che ci ha permesso un "salto di qualità" nelle cosiddette "funzioni superiori" e fondamentalmente nella nostra estrema capacità di invenzione, collegamento di pensieri, comunicazione sociale, fissazione di cambiamenti e processi al nostro esterno nei contesti in cui si vive. Sono proprio le modificazioni del contesto che ci circonda (letteralmente "Umwelt" secondo la definizione di ambiente di Von Uexkull) che ci hanno permesso di vivere negli ambienti più diversi e anche più a noi ostili. A ben vedere probabilmente si può dire che la vera "esplosione" della nostra strategia vincente si sia avuta da quando gli esseri umani hanno cominciato a scolpire e dipingere.

Dipingere un mammut ad esempio significa infatti osservarlo, modificare la sua immagine nel nostro cervello e poi "estroflettere" questa immagine modificata su un oggetto esterno come una pietra o un altro supporto. Di fatto questo processo non è tanto diverso da quello che si compie quando si progetta e poi si produce qualcosa.

Anche in questo caso, prima si raccolgono le idee e si integrano nel concreto della formulazione di un progetto e poi questo progetto viene proiettato sulla materia esterna e diventa così quello che chiamiamo un prodotto. L'estensione del processo di conoscenza-sintesi di conoscenze- progettazione –attuazione del progetto all'ambiente in genere, avvenuta in particolare dopo l'invenzione della agricoltura, è alla base della nostra strategia e la ha resa vincente. In questi termini questa strategia può essere considerata tipica solo della nostra specie anche se embrioni di essa si trovano in altri animali e in particolare nei nostri cugini primati in cui alcuni hanno identificato in modo inequivocabile "culture" differenziate trasmesse di generazione in generazione attraverso le cure parentali.

Eva Jablonka, in un altro saggio di questo volume e in un libro da poco uscito per i tipi della UTET non a caso parla di "evoluzione a quattro dimensioni": quella genetica, quella epigenetica, quella comportamentale e infine quella simbolica, assegnando l'ultima essenzialmente alla nostra specie.

Ho voluto citare la nostra specie come possibile esempio riuscito di "mostro speranzoso", ma esempi di accelerazione evolutiva ce ne sono veramente molti a ben guardare, in altri animali e ancora di più nelle piante. In queste, infatti, moltissime nuove specie si sono formate semplicemente per ibridazione fra specie diverse preesistenti.

Gli ibridi di prima generazione generalmente anche nelle piante come negli animali, sono inizialmente sterili, ma alcuni di loro nel caso dei vegetali possono raddoppiare il corredo cromosomico e questo, per un meccanismo che non è possibile spiegare dettagliatamente qui, le rende fertili. Si formano così veri e propri "mostri speranzosi" in quanto, anche se fertili, gli



ibridi sono all'inizio ovviamente sbilanciati dal punto di vista metabolico, ma in seguito, se sopravvivono, riescono ad elaborare nuovi rapporti fra i corredi genetici di partenza ambedue presenti negli stessi individui raggiungendo un nuovo, positivo, equilibrio.

È anche successo nelle piante, e lo abbiamo dimostrato nel nostro laboratorio (Intrieri et al, 2001) che un batterio infettasse piante appartenenti a diverse specie del genere *Nicotiana* e vi trasferisse parte del suo corredo genetico modificando drasticamente il processo evolutivo.

Conclusioni

Come abbiamo visto, i sistemi viventi si sono enormemente diversificati durante l'evoluzione e hanno adottato strategie di adattamento molto diverse. Non può quindi ragionevolmente esistere un'unica teoria dell'evoluzione che tenga conto contemporaneamente di tutte le facce della multiversità biologica se non la si basa sull'accettazione del sincretismo reale della vita, che per restare tale ha inventato e sta continuamente inventando nuovi strumenti e nuovi processi di adattamento.

È d'altra parte comprensibile e tipicamente umano il desiderio di conoscere tutti gli oggetti sottoposti alla nostra osservazione e comprenderli in leggi "universali" che ci permettano di prevedere le dinamiche ed eventualmente modificarle a nostro favore. Si potrebbe anzi dire che questo è proprio uno degli elementi fondanti della nostra strategia di adattamento e della utopia prometeica di costruirci un mondo "ottimale" per la nostra specie, basato su un programma costruito da noi, unico e senza effetti inattesi.

Analogamente, è umano, per chi studia la natura vivente, avere fede nelle proprie osservazioni compiute su porzioni della vivente multiversità, e cercare di costruire da queste teorie universali che però necessariamente cozzeranno con quelle prodotte da altri, che lavorano su diversi sistemi viventi, a diversi livelli di organizzazione, con diverse metodiche e diverse ottiche o magari, come ha fatto ad esempio R.A. Fisher, si limitano alla modellizzazione matematica senza procedere alla "falsificazione" della teoria che ne deriva.

All'inizio di questo terzo millennio tuttavia, le conoscenze che si vanno accumulando ci dicono che, dopo un lungo periodo di frammentazione delle scienze della vita dal punto di vista disciplinare e concettuale insieme, non ha senso la nostra costruzione di una unica "Torre di Babele" teorica universale. Questo naturalmente non perché ci sia una qualche legge fuori da noi che lo impedisce e condanna il nostro peccato di presunzione, ma semplicemente e laicamente perché la nostra costruzione con frammenti di teorie non comunicanti non corrisponde alla realtà.

Bisogna quindi tornare ad accettare, insieme con Darwin, il fatto che le scienze della vita (ma la situazione in fisica non è poi tanto diversa), permettono la elaborazione di leggi locali e non, come vorremmo, di una unica, onnicomprensiva, teoria dell'evoluzione che descriva e chiarisca in modo esauriente il passato e il presente e magari sia in grado di prevedere il futuro. Fin da ora si può invece cercare di sciogliere le antinomie su cui intere generazioni di ricercatori si sono scontrati in base ai dati che ci arrivano continuamente dalla ricerca sperimentale.

Vediamo di riassumere brevemente da questo punto di vista alcune considerazioni fatte in questo breve saggio prendendo in considerazione le diverse antinomie sviluppatesi durante il dibattito del ventesimo secolo.



- Caso/necessità: Non esistono sistemi che siano completamente casuali né completamente determinati. Nei sistemi viventi è necessario un certo livello di “disordine” (il “disordine benevolo”, Buiatti, 2004) fondamentale per affrontare, cambiando, le modificazioni e i danni indotti dal contesto esterno ed interno e quindi sono fondamentali generatori di variabilità che però sono diversi a seconda dei gruppi di organismi.
- Indipendenza/interazione: Anche se i singoli componenti di un sistema si possono comportare come indipendenti, come nel caso dei geni mendeliani, è tuttavia necessaria la “comunicazione” fra componenti che serve alla “scelta” della quota parte della variabilità potenziale da utilizzare nei diversi contesti. Da questo deriva la presenza di vincoli alla stocasticità che derivano proprio dalle interazioni fra componenti a tutti i livelli, da quello molecolare a quello cellulare, agli organismi, le specie, le popolazioni, gli ecosistemi, la biosfera.
- Discreto/continuo: Senza dubbio moltissimi processi sono descrivibili con funzioni continue ma ci sono anche molte situazioni in cui si ha discontinuità e inoltre elementi discreti, come chiarito dalla genetica dei caratteri quantitativi possono dare origine a comportamenti continui se le interazioni sono quantitative oltre che qualitative. Per quanto riguarda l’evoluzione ci sono sia periodi di relativa stasi che di forte e veloce cambiamento che sono simili a quelli individuati come “salti” perché si compiono in tempi molto ristretti sulla scala temporale evolutiva.
- Genotipo/fenotipo: Non è vero che il fenotipo è totalmente determinato dalla semplice trascrizione e traduzione della informazione contenuta nel DNA. Non è d’altra parte nemmeno vero che il fenotipo sia determinato del tutto dall’ambiente. Nella realtà dei fatti ci sono diversi livelli di incidenza dei contesti (non pare giusto parlare di ambiente in senso lato) sul rapporto fra genotipo e ambiente nella continua interazione che determina il fenotipo, a seconda del gruppo di organismi che si osserva. Si può dire molto sinteticamente che nei batteri il genotipo prevale mentre negli eucarioti è l’evoluzione epigenetica e quindi il fenotipo insieme al genotipo a essere fondamentale e in fine nel caso dell’uomo è la evoluzione culturale la più importante mentre il genotipo si sta modificando meno che in altri organismi pur mantenendo la sua ovvia importanza.
- Quale la unità dell’evoluzione? Gene, individuo, specie, ecosistema?
In realtà è la intera biosfera che si evolve continuamente e recentemente lo studio dei livelli gerarchici di organizzazione della vita superiori a quello di specie ha assunto rilevanza maggiore di prima. Sono rilevanti, a questo proposito in particolare, ad esempio le proposte innovative di Eldredge con la sua interpretazione “geologica” delle grandi estinzioni ed espansioni e d’altra parte il lavoro degli studiosi del lato ecologico della evoluzione. La contesa quindi, che in questo caso non era fondata su di una precisa antinomia ma su una serie di diverse proposte perde molto del suo valore e si va anche in questo caso verso un benvenuto sincretismo dei concetti e un collegamento organico dei dati sperimentali acquisiti da studi compiuti a diversi livelli di organizzazione.

Marcello Buiatti



Bibliografia essenziale

1. Buiatti M., (2000), *Lo stato vivente della materia. Le frontiere della nuova biologia*, Utet, Torino.
2. Buiatti M., (2004), *Il benevolo disordine della vita. La diversità dei viventi tra scienza e società*, Utet, Torino.
3. Buiatti M., (2007), *La biodiversità*, Il Mulino, Bologna.
4. Cini M. (1997), *Il Paradiso perduto*, Feltrinelli, Milano.
5. Crick F. (1958), *Central Dogma of Molecular Biology*, «Nature», 227, pp.561-563.
6. Gagliasso E., (2001) *Verso un'epistemologia del mondo vivente*, Guerini, Milano.
7. Goldschmidt R. B., (1938), *Physiological Genetics*, Mc-Graw-Hill, New York.
8. Jablonka E., Lamb M. J., (2007), *L'evoluzione in quattro dimensioni. Variazione genetica, epigenetica, comportamentale e simbolica nella storia della vita*, Utet, Torino.
9. Mayr E., (1990), *Storia del pensiero biologico. Diversità, evoluzione, eredità*. Bollati Boringhieri, Torino.
10. Schrödinger E., (1978), *Che cosa è la vita? Scienza e umanesimo*, Sansoni, Firenze.
11. Waddington C. H., (1979) *Evoluzione di un evolucionista*, Armando, Roma.
12. Wright S., (1997), *Evolution and the Genetics of Populations*, vol. 3, *Experimental results and Evolutionary Deductions*, The University of Chicago Press, Chicago.
13. Vries H. de, (1903), *Die Mutations Theorie*, Von Veit, Lipsia.

I paradigmi genetico ed epigenetico a confronto

Franco Giorgi

giorgif@biomed.unipi.it

Abstract

The complexity of development and inheritance mechanisms reduces the role of functional explanation in biology. After analyzing Mayr's position on genetic information and teleological explanation in Biology, the aim of this paper is to compare genetic and epigenetic paradigms in order to examine the different patterns of biological research, with regard to organisms' development and inheritance. The complexity resulting from this study will lead us to revalue a causal interpretation of these processes.

Keywords: Complexity, biological explanation, genetics, epigenetics

Introduzione

Secondo Mayr, la teleonomia evolucionistica è giustificata e spiegata dall'esistenza di un programma di istruzioni codificate nel DNA, ritenute sufficienti per instaurare e mantenere sia i processi evolutivi, quanto quelli di sviluppo. Nella seguente trattazione si intende mettere in discussione tale posizione, alla luce dei recenti sviluppi della genetica e della parallela esplorazione dei sistemi di eredità epigenetica. Tale analisi metterà in luce una complessità strutturale e funzionale degli esseri viventi che non può essere spiegata in maniera teleonomica. Gli studi che qui di seguito verranno presi in esame mostreranno che, per quanto possa essere alto il contenuto informativo del DNA, esso resta privo di significato al di fuori delle strutture cellulari, l'unico contesto in cui esso può essere letto. Ne consegue che qualunque valore possa essere attribuito all'esistenza di un programma di codificazione, esso non dovrà essere ricercato nella struttura del DNA in quanto tale, ma nel rapporto che sussiste tra la sintassi di codificazione e la dinamica della sua espressione materiale nel dominio spazio-temporale della sintesi proteica.

Nella prima parte saranno ricostruite le posizioni di Mayr e lo sviluppo della teoria dell'informazione genetica, mostrando, parallelamente, come tale posizione trovi una sua naturale interpretazione negli schemi della spiegazione funzionale. Verranno successivamente messi a confronto e valutati criticamente i paradigmi genetico ed epigenetico, per mostrare sia i punti di forza delle due linee di ricerca, quanto le lacune di un'analisi che intendesse privilegiare una delle due a discapito dell'altra. Saranno messe in discussione le rigide distinzioni imposte dal paradigma genetico, come quella fra l'evoluzione, intesa come processo esclusivamente selettivo, e lo sviluppo, inteso semplicemente come istruttivo. Emergerà infine la necessità di spiegare causalmente la vasta gamma di processi coinvolti nello sviluppo e nella trasmissione ereditaria.



Il Processo Evolutivo

L'idea che gli organismi viventi possano evolvere nel tempo è antica quanto lo stesso pensiero filosofico, ma è soltanto con la pubblicazione della teoria della selezione naturale (Darwin, 1859) che l'insorgenza e la propagazione dei cambiamenti evolutivi negli organismi viventi possono essere finalmente giustificati in modo scientificamente attendibile. Dal punto di vista epistemologico la teoria darwiniana comporta una netta separazione tra organismo e ambiente, ragion per cui soltanto gli organismi che siano risultati più adatti al vaglio selettivo possono persistere e quindi riprodursi (Ho, 1998). Nell'attuale concezione neo-darwiniana, vengono pertanto a compendiarsi due modelli esplicativi apparentemente molto diversi sul piano concettuale: la teoria della selezione naturale e le così dette leggi di Mendel secondo cui i caratteri parentali sono trasmessi alla discendenza seguendo il processo di segregazione gametica (Huxley, 1942). Paradossalmente, mentre l'*explanandum* della teoria di Darwin è incentrato sulla variazione che gli organismi viventi subiscono nel corso del tempo, l'*explanandum* delle leggi della segregazione riguarda invece le modalità con cui i caratteri ereditari sono trasmessi invariati da una generazione all'altra (Margulis, 1995).

Nel corso degli anni sono state sollevate numerose critiche alla teoria neo-darwiniana. Prima fra tutte quella di non essere vagliabile sperimentalmente perché essenzialmente intrisa di singolarità storiche. Questa conclusione, per quanto negativa, ha una ragion d'essere più che valida. La natura stessa del meccanismo di selezione è tale per cui le varianti sono selezionate in relazione agli effetti che producono o alle funzioni che contribuiscono a mantenere nel sistema di appartenenza. Ma la stessa selezione è ceca nei confronti di quelle strutture o tratti del sistema biologico che sostengono le funzioni selezionate. Infatti, soltanto le caratteristiche fenotipiche vanno soggette al vaglio ambientale. Possono dunque aversi funzioni equivalenti realizzate da strutture diverse, come pure strutture omologhe che realizzano funzioni diverse (Rosenberg, 2001).

Oltre che intrisa di singolarità storiche, la biologia evoluzionistica pone altri limiti alla spiegazione funzionale. Com'è noto, una spiegazione funzionale individua la relazione esistente fra la terna x, y, z , dove la funzione z spiega il ruolo di un organo x e della relativa funzione y in un sistema biologico. Ma limite della spiegazione funzionale in chiave evoluzionistico-selettiva è relativo al fatto di non poter dar conto dell'origine causale di un certo tratto, ma di poterne soltanto giustificare l'affermazione e la persistenza in condizioni che ne favoriscono l'adattamento funzionale (Millikan, 1989; Neander, 1991). Se la funzione è infatti da correlarsi con gli effetti che l'organo, o il processo in osservazione, sono in grado di produrre, il problema che rimane irrisolto è riguarda il non poter attribuire alcun ruolo causale a quelle strutture che non abbiano ancora acquisito una funzione. Lo stesso problema si pone quando si voglia giustificare la persistenza di quelle strutture vestigiali per le quali siano venute meno certe prerogative funzionali. Entrambe queste condizioni testimoniano l'obiettivo difficoltà di giustificare funzionalmente l'esistenza di strutture che sono ancora in corso di diversificazione. Da quanto detto si evince la difficoltà di giustificare il fatto che una funzione si sia affermata a prescindere da quella che è una prerogativa fondamentale del



mondo vivente: la dimensione storica. È intuitivo che l'interposizione di un tempo storico tra le presunte cause iniziali di un certo tratto e il suo espletamento funzionale renda problematica, sia la comprensione dei meccanismi attraverso cui i cambiamenti sono avvenuti, sia la ricostruzione del percorso intrapreso per la realizzazione di quei cambiamenti.

Per tener conto di questa dimensione storica e nel tentativo di ricondurre l'interpretazione funzionale a un ambito scientifico, Mayr (1982) ha suggerito di articolare lo studio degli organismi viventi in due campi distinti: la biologia delle cause prossime e quella delle cause remote. È evidente che il primo approccio è di natura fisiologica e come tale porta a giustificare la funzione nei termini della stabilità del sistema cui la funzione contribuisce. Il secondo è invece più propriamente storico e può pertanto fornire una giustificazione causale soltanto in relazione al processo di selezione. Il livello fisiologico è spesso riconducibile ad un'analisi sperimentale che ne permette la ripetibilità entro tempi facilmente accessibili allo scienziato, e come tale, va soggetto ai criteri di controllabilità propri delle scienze pure. Al contrario, la biologia evoluzionistica presuppone tempi talmente lunghi per cui ogni ricostruzione dei percorsi causali compiuti dal sistema in osservazione non può che essere fatta *a posteriori*. Data inoltre la complessità dei fenomeni in gioco è preclusa ogni possibilità concreta di prevederne, anche in linea di principio, lo sviluppo futuro. Secondo Mayr (1988) l'ipotesi delle cause remote può essere concettualmente sostenuta solo se correlata causalmente con l'esistenza di un programma di sviluppo. Sarebbe il possesso di un programma a conferire agli organismi viventi la capacità di evolvere nel tempo e di diversificarsi strutturalmente in virtù dell'insorgenza casuale di eventi mutazionali. Niente di equivalente esisterebbe nel mondo inanimato, eccezion fatta per le macchine prodotte dall'uomo.

Secondo questa linea di pensiero, il processo evolutivo costruirebbe un percorso storico svolgendo nel tempo un programma preconstituito d'istruzioni geniche. Per quanto comunemente accettata dalla comunità scientifica questa interpretazione sottende però l'assunzione che sia sufficiente definire il contenuto informativo delle sequenze nucleotidiche per dare un resoconto esaustivo del programma genico. Così facendo si prescinde dalla necessità di definire l'origine del programma, e di stabilire quanti e quali organuli siano coinvolti nel processo di codificazione dell'informazione. Come sarà chiarito più avanti, per i neo-darwinisti d'ispirazione genetica le istruzioni geniche sono necessarie e sufficienti per instaurare e mantenere i processi evolutivi e di sviluppo. Nel paradigma epigenetico invece le istruzioni geniche sono considerate necessarie, ma non sufficienti per codificare l'informazione generata nel corso dello sviluppo. Istruzioni di natura non-genetica sarebbero presenti anche negli organuli citoplasmatici, nelle membrane cellulari e negli endosimbionti, che sono ugualmente tramandati in forma invariata da una generazione all'altra.

Prima di affrontare il confronto tra i paradigmi genetico ed epigenetico e verificare la pertinenza di ognuna delle due interpretazioni a fornire modelli esplicativi per la biologia evoluzionistica, è necessario esaminare criticamente i concetti d'informazione e di programma. In questo articolo cercherò pertanto di argomentare che non è sufficiente definire un programma per conferirgli un ruolo causale. Per raggiungere questo obiettivo sarà necessario definirne il ruolo in relazione alla quantità di informazione per cui codifica e all'efficacia con cui realizza i relativi prodotti.



Nella teoria di Shannon e Weaver (1949), la quantità d'informazione trasmessa in un messaggio è misurata dalla riduzione dell'incertezza (Krippendorff, 1986). In ogni messaggio, la quantità di informazione trasmissibile è correlata con la probabilità con cui degli elementi di un codice possono essere inclusi in assenza di vincoli di successione (Collier, 1986). Ne consegue che un messaggio è tanto più informativo quanto più casuale è la successione con cui gli elementi del codice sono trasmessi. In altre parole, è la mancanza di vincoli di successione che rende improbabile, e conseguentemente tanto più informativo, il messaggio. Tuttavia, la teoria dell'informazione ignora completamente il problema se un messaggio sia dotato di significato o meno. L'aspetto dell'informazione di cui si tiene principalmente conto in questa teoria è la novità del messaggio, soprattutto se questa è intesa in relazione all'aspettativa del ricevente. Il problema che emerge da queste considerazioni è se la teoria di Shannon consenta di interpretare adeguatamente il concetto di informazione quando applicato ai programmi genici nei sistemi biologici. In realtà nella concezione shannoniana sono considerati soltanto gli aspetti sintattici e combinatori di un messaggio, mentre per comprendere che cosa sia un programma di codificazione genetica sarebbe necessario esaminarne anche aspetti semantici (Gitt, 1996).

Ovviamente parlare degli aspetti sintattici e semantici nel settore linguistico non solleva alcun problema di principio, fintanto che si assume, più o meno implicitamente, che facciano riferimento a un soggetto umano capace di stati mentali ed intenzionali. Tuttavia i codici naturali sono molto più numerosi di quelli stipulati convenzionalmente dagli esseri umani, potendone esistere anche nel campo molecolare, cellulare e comportamentale a prescindere dalla presenza di agenti cognitivi (Barbieri, 2001a). Per rispondere al ruolo funzionale per cui sono stati stipulati, e indipendentemente dal fatto se siano naturali o culturali, tutti i codici devono conformarsi a vincoli di natura sintattica e semantica. Queste argomentazioni sollevano il problema se sia filosoficamente possibile mantenere concettualmente distinti informazione e significato anche quando riferiti alla struttura dell'acido deossiribonucleico (DNA) ed al ruolo che questa molecola svolge come programma di codificazione in entrambi i processi di sviluppo e di evoluzione. Come è noto gli acidi nucleici comprendono soltanto 4 basi: due puriniche (**A, G**) e due pirimidiniche (**C, T**). Nel corso della replicazione, i nucleotidi che comprendono queste basi si legano covalentemente gli uni agli altri tra l'ortofosfato in posizione 5' del deossi-ribosio di un nucleotide e l'ossidrilico in posizione 3' del deossi-ribosio di un nucleotide precedente. Da ciò segue che le basi nucleotidiche non sono legate direttamente le une alle altre, ma solo in via mediata da ponti fosfodiesterici. Ciò implica che (1) *non esistono vincoli di successione tra le basi nucleotidiche*; e che (2) *uno stesso sistema enzimatico è in grado di legare covalentemente tutti i nucleotidi indipendentemente dalle basi che contengono*. Entrambi queste condizioni contribuiscono a conferire al DNA la massima possibilità combinatoria, perché comprensiva di elementi ugualmente probabili di uno stesso codice. L'esistenza di legami diretti tra le basi avrebbe inevitabilmente introdotto vincoli nella successione nucleotidica, contribuendo a diminuirne il contenuto informativo.

In effetti vincoli di complementarità sono presenti nel DNA, ma questi hanno la sola funzione di mantenere appaiati i due filamenti della stessa doppia elica. Le basi nucleotidiche di due filamenti sono vincolate direttamente le une alle altre in funzione del numero di anelli eterociclici



di cui sono composte e del numero di legami a ponte a idrogeno che possono formare. L'insieme di questi vincoli sfocia nelle famose regole di Chargaff (Ayala and Kiger, 1980), secondo le quali $A \equiv T$ e $C \equiv G$. Mentre è la totale casualità della successione nucleotidica nel singolo filamento a garantire il massimo contenuto informativo al DNA, è la presenza dei vincoli di complementarità tra i filamenti antiparalleli della doppia elica che lo mantiene geneticamente invariato nel tempo. In conclusione, l'informazione del DNA è codificata per mezzo di una sequenza nucleotidica lineare a successione casuale. Per quanto alto possa essere questo contenuto informativo è di fatto impossibile attribuirgli un valore causale come programma in quanto privo di "significato" al di fuori del contesto in cui può essere trascritto funzionalmente, e questo contesto non può che essere la cellula stessa.

La codificazione sintattica e l'espressione semantica dell'informazione possono essere poste in rapporto con il duplice ruolo svolto dal DNA nel corso del ciclo cellulare: (1) *la replicazione semiconservativa* e (2) *la trascrizione*. Il DNA si replica semiconservativamente per essere trasmesso invariato di generazione in generazione. È invece trascritto per essere espresso nell'ambito della stessa generazione. Il DNA è quindi funzionalmente passivo quando è copiato nella fase replicativa, e funzionalmente attivo quando è espresso nel corso della trascrizione (Rocha, 2001). Mentre in un caso le sequenze nucleotidiche sono mutate, ricombinate e disseminate nella discendenza, nel secondo sono soltanto trascritte e tradotte sino a generare macromolecole tridimensionali di natura proteica. È quindi possibile sostenere che nella fase replicativa il DNA subisce soltanto modificazioni d'ordine sintattico, mentre nella fase espressiva diviene semanticamente attivo in quanto innesca un processo, la sintesi proteica appunto, il cui prodotto è ciò che il DNA denota.

In base a quanto discusso è possibile concludere che è nella casualità della sequenza nucleotidica, in ragione della equiprobabilità delle basi nucleotidiche, che risiede il contenuto informativo del DNA, ed è nella relazione con gli stessi prodotti per cui codifica in fase espressiva che il DNA svolge un ruolo funzionale. Ciò sta a significare che, se c'è un valore semantico da attribuire al DNA, questo non è da ricercarsi nella struttura in quanto tale, ma nella relazione che lo lega al contesto nel quale è espresso in fase di traduzione. In conclusione quindi, ciò che la relazione DNA-proteine suggerisce è che il ruolo causale da attribuire al programma di informazione, come inizialmente suggerito da Mayr (1988), è da ricercare nel rapporto che sussiste tra la sintassi di codificazione e la dinamica della sua espressione nel dominio spazio-temporale della sintesi proteica (Pattee, 1995).

Dopo aver considerato gli aspetti più salienti della sintesi neo-darwiniana moderna possiamo adesso esaminare quanti e quali modelli esplicativi la teoria può offrire per interpretare la rilevanza causale dei processi evolutivi ed embriogenetici. Per spiegare questi processi non è sufficiente ridescriverli alla luce delle conoscenze di biologia molecolare. Se così facessimo non faremmo altro che interpretarli come se appartenessero a domini diversi della conoscenza. Al contrario, per fornire una visione unificante dei rapporti che intercorrono tra evoluzione ed embriogenesi, sarà necessario re-esaminarli riducendo al minimo il numero di modelli esplicativi (Kitcher, 1981). In quest'ottica cercheremo in primo luogo di analizzare i paradigmi genetico ed epigenetico separatamente, e in secondo luogo valuteremo la potenzialità



esplicativa di ognuno dei due paradigmi nel render conto dell'effettiva complessità e diversità dei fenomeni evolutivi e di sviluppo.

Il Paradigma Genetico

Il modello esplicativo del paradigma genetico è fondato sul centrismo genico (*gene-centered*). Secondo questo modello, l'adattamento di una popolazione è spiegato dalla capacità dell'ambiente di selezionare i caratteri ereditari favorevoli e del patrimonio genico di mutare casualmente. In questa concezione, viene implicitamente assunto che i geni siano tali da (1) *determinare i relativi caratteri in modo diretto e additivo* ed (2) *essere tramandati in forma invariata da una generazione all'altra, a eccezione di eventi mutazionali casuali*.

L'assunzione che i geni possano determinare i relativi caratteri fenotipici in modo diretto presuppone che stiano in rapporto uno ad uno con le proteine per le quali codificano. In effetti questa aspettativa è fondata sulle esperienze di *Tatum e Beadle* in *Neurospora* secondo cui esiste un solo gene per ogni enzima presente nella cellula (Zubay, 1987). Numerose evidenze sperimentali, prima fra tutte, la recente stima di circa 30,000 geni del progetto del genoma umano (Human Genome Project, 2001), dimostrano invece che la diversità proteica supera di gran lunga quella semplicemente derivabile dalle conoscenze genomiche (Davison and Burke, 2001). Inoltre, i meccanismi di *splicing* alternativo, le modificazioni post-trascrizionali dei neo-trascritti e quelle post-traduzionali delle proteine nascenti consentono ad uno stesso gene strutturale di produrre numerose varianti proteiche a seconda del contesto cellulare o ormonale in cui è fatto esprimere (Black, 1998). Se i geni agissero in modo additivo come assunto dal centrismo genetico l'integrazione genomica dovrebbe essere intesa come una conseguenza dell'ambiente in cui gli stessi geni sono stati casualmente selezionati (Sterelny and Kitcher, 1988), piuttosto che una condizione necessaria, per quanto non sufficiente, perché possano esprimersi in modo temporalmente coordinato. In altre parole, si riduce ad effetto ciò che, in virtù della complessità delle interazioni geniche, dovrebbe invece essere inteso come "causa" della stessa possibilità di esprimere in modo coordinato l'informazione codificata (Pepper, 2002). Assumere che i geni agiscano in modo diretto ed additivo, equivale quindi ad attribuire un ruolo causale soltanto al genotipo e a ridurre il relativo fenotipo a puro e semplice contenitore per l'espressione genica. In questo contesto, la selezione genotipica si giustificerebbe perché soltanto i geni possono svolgere il ruolo di replicatori e non altre unità come i genomi, gli organismi e le specie. In questa visione "egoista" i geni costruirebbero perciò gli organismi unicamente come veicoli per la propria replicazione e, in quanto tali, sarebbero gli unici ad andare soggetti al vaglio selettivo (Dawkins, 1999). Tutto ciò comporta il totale disconoscimento della natura e della complessità delle interazioni che sussistono tra genoma e ambiente e l'attribuzione al solo gene dello status di innovatore perché unico, tra le tante strutture cellulari, a potersi autoreplicare (Maynard Smith e Szathmáry, 2001). In altre parole, gli organismi si riproducono perché contengono molecole che si replicano. Da questo punto di vista, la riproduzione a livello organismico viene quindi a coincidere con la replicazione a livello molecolare. In realtà, attribuendo valore funzionale alla sola replicazione, si assume come attivo il processo di copiatura del DNA che è invece da ritenersi passivo e si



attribuisce ai soli errori di copiatura la possibilità di introdurre novità nel patrimonio genico di una specie.

Se il gene è concepito in modo diretto e additivo è gioco forza che in una visione *gene-centered* non si possano prevedere meccanismi di feedback tra genotipo e ambiente. Questa concezione è da correlarsi con il presupposto fondamentale di una vera e propria barriera tra la linee germinale e somatica. Ne consegue che niente di ciò che è sperimentato dal fenotipo può essere trasferito al genotipo ed essere trasmesso inalterato attraverso le generazioni. Si noti tuttavia che le evidenze a sostegno della teoria di Weissman si fondano sull'osservazione che le cellule germinali segregano precocemente nel corso dell'embriogenesi (Illmensee *et al.*, 1976), mentre in realtà la possibilità che la barriera somato-germinale possa essere superata è dimostrata sia dalla persistenza intergenerazionale di endosimbionti nei follicoli ovarici di molte specie di insetti (Giorgi and Nordin, 1994), sia dal trasferimento endocitotico di retrovirus espressi dalle cellule follicolari di *Drosophila melanogaster* (Leblanc *et al.*, 2000). In conclusione, questi dati dimostrano che il processo di trasformazione genica è molto più complesso di quanto il paradigma genetico della mutazione puntiforme lasci presupporre. Il concetto di gene sul quale il paradigma è tuttora fondato equivale a quello di unità indivisibile della trasmissione ereditaria della prima accezione mendeliana. In realtà, equiparando il gene a un tratto di DNA equivalente a un'unità di espressione, sia pure comprensiva di elementi regolatori e strutturali (Portin, 1993; Morange, 1998), se ne disconosce l'evolubilità, cioè la capacità di generare fenotipi ereditabili in virtù di strategie che siano esplorative di nuovi adattamenti e al tempo stesso riducano i vincoli che si frappongono al cambiamento (Kirschner and Gerhart, 1998).

il paradigma epigenetico

Il termine epigenesi (*epi-* al di sopra, *genesis-* origine) è stato impiegato sin dall'antichità a denotare la generazione *ex-novo* di nuove individualità. In questa accezione l'individuo in sviluppo è considerato nel suo stesso divenire attraverso cambiamenti graduali delle parti di cui è composto. Epigenesi si contrappone quindi a preformismo. Nell'impossibilità di concepire l'idea stessa di embrione in divenire, il preformista assume che una forma miniaturizzata preesista secondo una regressione *ad infinitum* di *homunculi*. In questa concezione, sviluppo e crescita vengono pertanto a coincidere. In epoche più recenti al termine di epigenesi è venuto gradualmente a sostituirsi quello di epigenetica, soprattutto ad opera di *Conrad H. Waddington* (1905-1975). Se intesa nella sua accezione più ampia di biologia dello sviluppo, l'epigenetica designa non soltanto una forma in divenire, ma anche e soprattutto la possibilità che l'informazione espressa nel corso dello sviluppo non risulti semplicemente da un'espressione genica programmata, ma si generi in funzione della molteplicità delle strutture e delle interazioni realizzate a partire dall'uovo fecondato. Così intesa, la visione epigenetica coinvolge molto di più di quanto non emerga dal semplice studio di quei cambiamenti ereditabili della funzione genica che avvengono in assenza di variazioni mutazionali (van Speybroeck *et al.*, 2002).



La concezione epigenetica pone in discussione tutte le asserzioni della concezione *gene-centered* del neo-darwinismo, dimostrandone non tanto la falsità, quanto la limitatezza. Non sono infatti le eccezioni al modello evolutivo darwiniano che invalidano il paradigma genetico, quanto l'idea stessa che sia limitante fondare l'intera interpretazione evolutiva sull'equazione riproduzione = replicazione. Così facendo si assume implicitamente che l'unica possibilità di introdurre cambiamenti innovativi nell'evoluzione sia in via genetica, e che possa avvenire soltanto tramite variazioni causali del processo di replicazione. Si disconosce il ruolo svolto da altre strutture cellulari, e si assume implicitamente che un organismo in sviluppo altro non faccia che esprimere istruzioni geniche pre-costituite. Da questo punto di vista il processo evolutivo viene concepito come selettivo, mentre allo sviluppo embrionale rimane solamente un ruolo istruttivo (Jablonka and Lamb, 1998). Tutto lo scopo del paradigma epigenetico è proprio quello di dimostrare che anche lo sviluppo può essere selettivo per cui parte delle innovazioni introdotte nel patrimonio genetico di una specie sono di fatto vagliate ed espresse nella periodo embrionale.

La continuità intergenerazionale non è mantenuta soltanto attraverso il trasferimento genico. C'è un'intera cellula, comprensiva di citoplasma e genoma nucleare, che è trasferita da una generazione all'altra. Con essa un organismo non eredita soltanto copia del patrimonio genico parentale, ma anche un insieme di organuli e membrane. Un uovo fecondato non è quindi soltanto un veicolo di trasmissione genica, ma è esso stesso luogo di espressione dell'informazione codificata e luogo entro cui il potenziale ricombinatorio delle sequenze nucleotidiche viene dotato di significato, perché posto in condizioni di esprimersi sotto forma di neo-trascritti e proteine. In altre parole, l'uovo funge da contesto nel quale il messaggio genico può diventare significativo.

Il contenuto genico di un nucleo zigotico è tale per cui soltanto l'ovoplasma è in grado di poterne "leggere" l'informazione e renderla così significativa. In presenza di un solo nucleo somatico, lo stesso ovoplasma è incapace di dare inizio allo sviluppo embrionale, se non dopo riprogrammazione. Ugualmente, un nucleo zigotico trapiantato in un citoplasma somatico è destinato all'insuccesso. Molto spesso si dimentica di rimarcare quanti tentativi di trapianto nucleare siano stati effettuati per ottenere una sola clonazione con esito positivo. Per esempio, la nascita di Dolly è stata ottenuta tramite 277 esperimenti di trapianto nucleare. Di questi, 247 si sono impiantati nell'utero materno, ma soltanto 29 hanno iniziato a svilupparsi e solo uno ha completato lo sviluppo (Beardsley, 1997).

I sostenitori della clonazione potrebbero certamente argomentare che il successo di un caso su 277 testimonia comunque la validità dell'esperimento di trapianto nucleare. Tuttavia, sostenere questa tesi equivale a giustificare gli esperimenti di trapianto nucleare soltanto nell'ottica delle potenziali applicazioni biotecnologiche (Ho, 2001). In un senso più strettamente scientifico gli esperimenti di trapianto nucleare dimostrano la capacità del genoma nucleare di mantenersi inalterato nel corso del processo di differenziamento cellulare, e quella del citoplasma ovulare di riprogrammare il genoma differenziato a seguito del trapianto nucleare (Gurdon and Byrne, 2003). Dal punto di vista epigenetico entrambi queste caratteristiche dimostrano la possibilità per uno stesso contenuto genico di realizzare funzioni diverse a seconda del contesto citoplasmatico nel quale è fatto esprimere. Ciò che questi



esperimenti non dimostrano invece se le caratteristiche differenziali espresse nel corso dello sviluppo embrionale, possano essere tramandate ereditariamente. Valutata dall'interno del paradigma genetico questa possibilità è categoricamente esclusa, in quanto in questa ottica le caratteristiche fenotipiche possono essere espresse soltanto dalla linea cellulare somatica e rimanere così ristrette alla stessa generazione. Come tali, non sono ereditabili. Nella prospettiva epigenetica invece, è concepibile che le caratteristiche fenotipiche embrionali così espresse possano lasciare un'impronta ereditaria e quindi essere tramandate alla discendenza.

L'uovo è molto di più di un contenitore di geni. A renderlo strutturalmente complesso è la distribuzione eterogenea di membrane e di organuli che nell'insieme contribuiscono a polarizzarlo. L'asse antero-posteriore di un uovo è infatti definito nel corso dell'ovogenesi ad opera di proteine e neo-trascritti di origine materna. Questi si distribuiscono eterogeneamente nell'ovoplasma in virtù di ancoraggi selettivi con il citoscheletro ovulare (Martin *et al.* 2003). L'esistenza di asimmetrie ovariali sotto forma di polarizzazioni antero-posteriori o apico-basali è condizione necessaria e sufficiente perché l'embrione possa esprimere correttamente il potenziale genico di cui è dotato. Dal momento che queste asimmetrie sono pre-determinate in via materna, una visione strettamente genetica ne attribuirebbe la causa ai soli geni della madre (Dollar *et al.*, 2002). Secondo il paradigma epigenetico invece la causa andrebbe ricercata anche in tutti quei fattori, siano essi membrane, organuli o elementi del citoscheletro che, a seguito di un'espressione genica materna, vengono ad essere distribuiti eterogeneamente nell'ovoplasma, o divengano essi stessi causa di una distribuzione differenziale dei neo-trascritti materni. Per esempio, è noto che i follicoli ovarici di molti insetti contengono endosimbionti di natura batterica. Dopo aver proliferato in molti tessuti somatici, i batteri si trasferiscono endocitoticamente nell'ovocita garantendosi così una trasmissibilità ereditaria (Giorgi e Nordin, 1994). L'osservazione che esemplari privati artificialmente di endosimbionti arrestano precocemente lo sviluppo embrionale testimonia la reciproca dipendenza che intercorre tra i metabolismi dell'ospite e dei batteri. Infatti, la presenza di batteri garantisce all'uovo la fornitura di un sistema enzimatico atto alla proteolisi delle riserve vitelliniche, mentre l'uovo sostiene il metabolismo batterico attraverso i prodotti derivanti da questa degradazione (Giorgi *et al.*, 1997). In termini esclusivamente genetici, la simbiosi potrebbe essere attribuita ad una complessa espressione genica che consenta agli endosimbionti di interagire con i tessuti dell'ospite. Quest'interpretazione ovviamente toglie agli endosimbionti il ruolo di fattori ereditari e, ancora una volta, attribuisce la persistenza della simbiosi ai soli geni. Ma se così fosse, bisognerebbe anche ammettere che ciascuno dei simbiosi, batteri ed ospite, abbia dovuto avere i geni necessari all'interazione ancor prima di realizzare la simbiosi. Nella prospettiva epigenetica invece il fenomeno endosimbiotico viene visto come co-evolutivo nel senso che una crescente pressione selettiva tra i simbiosi ha reso la loro interazione "robusta", tale cioè da stabilizzarne il rapporto ed esaltarne sempre più la reciproca dipendenza. Da questo punto di vista anche gli endosimbionti possono essere considerati ereditari, e come tali, capaci di esplorare nuove risorse quando posti in condizioni di stress metabolico (Drake *et al.*, 1998; Lynch *et al.*, 1999).

Le differenze che intercorrono tra le interpretazioni genetica ed epigenetica possono essere esemplificate dal confronto con la teoria dell'informazione. In questo contesto, l'informazione



recepita da un ricevitore è funzione tanto dello stato della rispettiva sorgente, quanto del canale di connessione. Ne consegue che la distinzione tra canale e sorgente è, in un certo senso, lasciata alla libera scelta dell'operatore. Mantenendo costanti le condizioni del canale è possibile conoscere lo stato della sorgente, come pure è possibile conoscere le condizioni del canale quando quelle del ricevitore sono mantenute costanti (Griffiths e Gray, 1994). Da questo punto di vista interpretare l'endosimbiosi batterica in termini esclusivamente genetici equivale ad attribuire ai geni il ruolo di sorgente, assumendo che il canale debba essere necessariamente costante. Al contrario, l'interpretazione epigenetica sottolinea l'importanza delle condizioni metaboliche dei simbionti e soprattutto le loro reciproche interazioni come contesto all'interno del quale l'espressione genica di entrambi può venir dotata di senso. In conclusione, ci sono molte strutture e processi delle uova alle quali l'interpretazione epigenetica riconosce il ruolo di potenziali fattori ereditari. Interpretarle in chiave esclusivamente genetica equivarrebbe a disconoscerne l'importanza in relazione alle condizioni che sono permissive per un'espressione genica appropriata. Tuttavia l'epigenetica non contribuisce soltanto a riconsiderare lo sviluppo e l'evoluzione in termini interattivi, ma ridefinisce anche la natura della stessa unità di selezione in entrambi i processi (Oyama et al., 2001). Nella visione *gene-centered* del paradigma genetico la selezione ambientale è vista agire direttamente sul genotipo, ragion per cui è il gene stesso a svolgere il ruolo di unità di selezione. Se la proposta epigenetica si limitasse ad annoverare tra i fattori ereditari, non solo i geni, ma anche altri elementi strutturali delle uova fecondate, non potrebbe certamente proporsi come nuovo paradigma, ma al più potrebbe semplicemente aspirare ad un'estensione del concetto di genetica. Al contrario nella visione epigenetica, l'unità di selezione è definita in relazione a un intero ciclo vitale che è comprensivo sia della sua potenzialità evolutiva che dei processi di sviluppo (Griffiths and Gray, 2003).

Attribuire all'intero ciclo vitale il ruolo di unità di selezione fa venir meno la distinzione tra selettivo ed istruttivo applicato al binomio evoluzione e sviluppo. Non più ciò che è scelto selettivamente nel corso dell'evoluzione è applicato istruttivamente all'embrione in sviluppo. I due processi divengono così intrinsecamente dipendenti uno dall'altro per cui solo ciò che è compatibile con il modello di sviluppo può essere selezionato fenotipicamente ed essere quindi assimilato nel genoma. In secondo luogo, lo stesso genotipo non è più funzionalmente equivalente alla sommatoria dei geni selezionati singolarmente, ma è al contrario, un'unità genomica integrata capace di esprimere strategie adattative diverse per ogni stadio di sviluppo. Infine, l'idea stessa di ambiente deve essere ampliata oltre la semplice concezione di luogo come *habitat* e includere invece quella di luogo come *Umwelt*. L'ambiente in quanto *habitat* pone a vaglio soltanto le capacità dell'individuo adulto a procacciarsi competitivamente le risorse energetiche. L'ambiente come *Umwelt* invece è il mondo semiotico dell'organismo in sviluppo, che viene per ciò stesso a comprendere tutti quegli stimoli percepiti come significativi per la sua sopravvivenza (Barbieri, 2001b). Presa nel suo significato più ampio quest'idea di ambiente porta inevitabilmente a ritenere il rapporto che intercorre tra genotipo e fenotipo non più univoco. Uno stesso genotipo non codifica soltanto per la forma fenotipica adulta, ma per tutta la serie di cambiamenti attraverso cui l'embrione



passa nel corso dello sviluppo. Se questo è vero, ne consegue che il vaglio adattativo da parte dell'Umwelt embrionale non avviene soltanto a sviluppo ultimato, ma stadio per stadio (Nolfi and Parisi, 1995). Da qui l'idea che l'embrione non possa fungere da puro e semplice contenitore per lo svolgimento di un'informazione pre-costituita, ma debba, al contrario, condizionare il processo evolutivo in funzione della compatibilità dei vari stadi con l'intera successione di sviluppo.

Sino ad ora sono stati considerati soltanto gli aspetti teorici e i rispettivi domini di applicabilità dei paradigmi genetico ed epigenetico. Rimane pertanto da verificare in che misura le potenzialità epigenetiche esplorate nel corso dello sviluppo embrionale possono condizionare il processo evolutivo instaurando in esso condizioni di ereditabilità. In altre parole, si tratta di verificare se esistano o meno meccanismi che rendono trasmissibili i cambiamenti epigenetici, cioè a dire se le condizioni che modificano le strutture cellulari e nucleari in modo epigenetico possono essere trasmesse invariate da una generazione all'altra, anche in assenza di cambiamenti del DNA nucleare.

Oltre a un patrimonio genico parentale ricombinato, lo zigote contiene anche una serie di organuli citoplasmatici – inclusi gli endosimbionti – che sono ereditati secondo leggi non-mendeliane. Ciò sta a significare che organuli come i mitocondri ed i cloroplasti sono trasferiti da una generazione all'altra senza che il loro trasferimento comporti, o avvenga in sincronia con, la replicazione dell'intero assetto genico nucleare. Mentre il DNA è ripartito equamente in virtù di un meccanismo di replicazione semiconservativa (Holmes, 2002), gli organuli citoplasmatici sono distribuiti alle cellule figlie secondo una ripartizione puramente stocastica. Il fatto che i mitocondri risultino equamente distribuiti nella discendenza è dovuto quindi non tanto alla natura del meccanismo di replicazione, quanto alla casualità della loro ripartizione nel corso della divisione mitotica. Se questo è vero per le cellule somatiche, c'è allora da attendersi che il numero e la composizione allelica dei mitocondri presenti in uno zigote non dipendano dalla loro potenzialità replicativa, quanto dal ruolo svolto dai gameti parentali nel processo di fecondazione. Di norma, soltanto i mitocondri materni sono trattiene nello zigote, mentre quelli paterni non hanno accesso all'ovoplasma o, se lo hanno, sono gradualmente perduti nel corso dello sviluppo. La presenza di mitocondri di derivazione esclusivamente materna genera pertanto un tipo di eredità citoplasmatica uniparentale priva di fenomeni di ricombinazione, in cui i geni possono perpetuarsi soltanto in forma clonale (Birsky, 1995). Da un punto di vista epigenetico questo significa che i mitocondri materni contribuiscono, per lo meno in parte, a generare un "contesto" zigotico adeguato per un'espressione genica differenziale del patrimonio nucleare. Detto in altri termini, è possibile che la composizione organulare di un assetto pluricellulare sia tale da condizionare selettivamente l'espressione nucleare, come d'altra parte può essere vero anche l'inverso che sia l'espressione genica nucleare a selezionare la composizione organulare più adatta.

Il termine di organulo citoplasmatico non fa esclusivo riferimento a mitocondri e cloroplasti, che sono gli unici ad essere dotati di un proprio patrimonio genico. In questo senso, qualunque ruolo fosse loro ascritto sarebbe pur sempre spiegabile come evento mutazionale casuale, secondo quanto previsto dal paradigma genetico. Altri organuli sono ripartiti stocasticamente nella discendenza cellulare, pur non avendo alcun contenuto genico in proprio. Tutto questo



suggerisce che la trasmissione inter-generazionale degli organuli citoplasmatici può avvenire anche in assenza di un'informazione codificata in forma genica. Per esempio, l'apparato di Golgi raggiunge questo obiettivo attraverso la persistenza in forma vescicolare nel corso della divisione mitotica (Jokitalo *et al.* 2001). Quest'osservazione è particolarmente importante nella prospettiva epigenetica perché testimonia che, in mancanza di un sistema di codificazione adeguato, la persistenza degli organuli attraverso le generazioni è affidata alla continuità strutturale di alcune parti costitutive. Le vescicole di origine golgiana che persistono durante la mitosi possono infatti fungere da centri di nucleazione per la formazione di un intero apparato di Golgi con l'inizio della generazione cellulare successiva.

La scoperta delle paramutazioni ha sostanzialmente modificato la concezione secondo cui il gene debba essere inteso come unità invariante nel tempo e strutturalmente indivisibile, dimostrando che gli alleli possono anche interagire attraverso meccanismi che ne riducono l'espressione e rendono questa riduzione permanente nonché trasmissibile ereditariamente (Chandler *et al.*, 2000). Le modificazioni paramutazionali, a differenza di quelle mutagene, non comportano alcuna modifica della sequenza nucleotidica del gene. Non sono quindi genetiche, ma epigenetiche, perché il gene non è modificato nel contenuto informativo, bensì nella stessa potenzialità espressiva. Il fatto che questa modifica possa essere resa permanente ed ereditabile implica che i geni sono trasferiti da una generazione all'altra con una potenzialità espressiva pre-determinata. Volendo ricondurre l'interpretazione delle paramutazioni ad un ambito esclusivamente genetico, si dovrebbe assumere che l'espressività genica è funzione esclusiva dell'interazione che intercorre tra geni regolatori e strutturali. Se così facessimo tuttavia disconosceremmo la natura delle modifiche strutturali che presiedono al controllo dell'espressività genica. Tra queste si annoverano cambiamenti a carico della cromatina, degli istoni nucleosomici, nonché di molti altri fattori che possono essere di natura esclusivamente ambientale. Tutti questi fattori, sia quelli endogeni che quelli esogeni, modificano l'espressione genica rendendo i relativi promotori più o meno accessibili alle proteine trascrizionali, ma non alterano in alcun modo la sequenza nucleotidica dei geni.

I rapporti di dominanza e recessività che intercorrono tra forme alleliche diverse sono stati messi in discussione dalla scoperta di un ulteriore meccanismo di regolazione genica: *l'imprinting genetico* (Cattanach and Jones, 1994). In questo caso le differenze funzionali che intercorrono tra gli alleli sono da imputare alla diversa origine parentale. Alla base di questo meccanismo sta la metilazione di una delle basi nucleotidiche, la citosina, la cui funzione è quella di inattivarne selettivamente la trascrizione. Che in ogni specie animale esistano differenze morfologiche e funzionali tra i due sessi è cosa ovvia, e altrettanto ovvio è che tutte quante dipendano dall'assetto cromosomico dell'organismo ricevente. In altre parole, i geni dei cromosomi sessuali si esprimono in modo diverso a seconda del sesso in cui sono segregati nella discendenza. Nel caso dell'imprinting genetico invece i geni metilati in via parentale sono condizionati a esprimersi o a inattivarsi a seconda del sesso del genitore da cui derivano. Non dipendono quindi dal sesso della generazione successiva, ma da quello della generazione precedente. Tuttavia, essendo l'imprinting genetico un meccanismo reversibile, l'inattivazione di un certo allele rimane invariata se la discendenza è dello stesso sesso, mentre cambia se la discendenza è di sesso opposto. Attuandosi nel corso della gametogenesi, l'imprinting genetico



è a carico delle sole cellule germinali. Se alcuni dei geni germinali sono condizionati dal sesso di origine, l'imprinting rappresenta una memoria dell'espressività genica da tramandarsi da una generazione all'altra, senza che la relativa sequenza nucleotidica sia modificata. Quali ruoli svolgano i meccanismi di imprinting nello sviluppo e nell'evoluzione è tuttora molto dibattuto. C'è però una certezza: (1) che gli alleli parentali non sono identici e (2) che un organismo necessita degli alleli di entrambi i genitori per svilupparsi correttamente. Sulla base di queste osservazioni, è allora plausibile che i geni paterni possano avere un effetto stimolante sulla crescita fetale, mentre quelli materni possano aver la funzione opposta di limitarla, nel tentativo, probabilmente, di rendere lo sviluppo embrionale compatibile con i vincoli posti dal rapporto placentare (Tilghman, 2000). In conclusione, esistono sufficienti evidenze sperimentali a sostegno dell'idea che anche i meccanismi epigenetici possano garantire la trasmissione ereditaria di certi caratteri parentali. Mentre l'eredità genetica attiene al trasferimento dell'informazione, invariata o mutata che sia, la trasmissione epigenetica è deputata al controllo della sua espressività trascrizionale. In una visione *gene-centered* il controllo dell'espressione genica differenziale sarebbe considerato di pertinenza fenotipica, e quindi ininfluenza ai fini ereditari. Lo studio dei meccanismi epigenetici consente invece di comprendere come il controllo dell'espressività genica possa essere ereditato in via gametica, e possa per questo diventare oggetto di selezione.

Conclusione

L'obiettivo ultimo di un'impresa scientifica è di spiegare i fenomeni in osservazione derivandone la descrizione dal minor numero possibile di assunzioni iniziali (Kitcher, 1981). In tal modo, fenomeni che risultino apparentemente diversi sul piano dell'esperienza diretta possono essere spiegati in riferimento agli stessi modelli esplicativi e secondo paradigmi sempre più ampi. L'unificazione che è così raggiunta può rivelare l'esistenza di connessioni impreviste, o imprevedibili, tra alcuni dei fenomeni precedentemente attribuiti a reami diversi della conoscenza. Nel presente articolo abbiamo voluto verificare se fenomeni come l'evoluzione e lo sviluppo embrionale possano essere spiegati secondo uno stesso principio di unificazione. A tale scopo sono stati posti a confronto il paradigma del centrismo genetico, su cui la moderna sintesi neo-darwiniana si fonda, e l'analisi dei meccanismi epigenetici di natura ereditaria. Come è stato ampiamente discusso, in una visione *gene-centered*, le innovazioni introdotte selettivamente nel patrimonio genetico agiscono istruttivamente nello sviluppo. Conseguentemente soltanto il genotipo è selezionato, mentre il relativo fenotipo è determinato in base ad un rapporto meccanicistico tra DNA e proteine. In sostanza, le cause remote di fenomeni quali l'evoluzione e lo sviluppo debbono essere ricercate nell'esistenza di un programma di natura esclusivamente genetica.

Il paradigma epigenetico contende tutte queste asserzioni, sostenendo che una genomica funzionale debba fondarsi non su un programma genetico, ma su un programma di sviluppo. Nel programma genetico è compendiato soltanto il concetto d'informazione, mentre nel programma di sviluppo questa informazione diventa significativa (Keller, 2000). Se il programma fosse inteso in termini esclusivamente genetici, sarebbe impossibile distinguere tra geni come sorgenti d'informazione e geni come entità su cui il programma stesso agisce.



Per non ridurre il concetto di gene a pura e semplice istruzione pre-esistente nel DNA, è stato proposto di articolare il programma di sviluppo in modo da comprendere tutte quelle strutture dell'uovo fecondato che, come i geni, sono trasmesse inalterate da una generazione all'altra (Keller, 1999). È comprensibile che proposte di questo tipo abbiano suscitato reazioni contrastanti nella stessa comunità scientifica. Per alcuni il significato di gene dovrebbe articolarsi in due concetti distinti: quello di gene preformista (Gene-P) capace di predeterminare il fenotipo e quello di gene dello sviluppo (Gene-D) per sostenere l'idea di un'espressione genica differenziale (Moss, 2002). Per altri, la denuncia dei limiti del centrismo genico non ne invalida in principi riduzionistici, ma anzi testimonia la necessità che il riduzionismo debba essere praticato a livelli ancora più spinti per risolvere quelle ambiguità su cui l'epigenetica fonda la propria critica (Carroll, 2001).

Fortunatamente il confronto tra centrismo genetico ed epigenesi non deve necessariamente risolversi con la legittimazione di uno dei due paradigmi. Entrambi i modelli esplicativi sono legittimati dall'attuale ricerca bio-molecolare, per quanto differiscano per il livello di organizzazione cui sono riferiti. Mentre è da rifiutare l'idea di un determinismo genetico secondo cui *noi siamo i nostri geni*, non possiamo che accettare il principio che noi non *saremmo senza i nostri geni* (Morange, 2002a). Infine, anche in una prospettiva storica, il confronto tra i due paradigmi non avrebbe potuto risolversi tra modelli esplicativi alternativi. L'epigenesi infatti non avrebbe avuto alcuna possibilità di evolversi concettualmente di per sé, se non in opposizione al centralismo genetico di cui ha sottolineato i limiti esplicativi e le inevitabili semplificazioni (Morange, 2002b).

Franco Giorgi

Bibliografia

1. Ayala, J.F. and Kiger, J.A. Jr. (1980). *Modern Genetics*. The Benjamin/Cummings Publishing Company, Inc. Menlo Park. California.
2. Barbieri, M. (2001a). *The Organic Codes. The birth of semantic biology*. Pequod, Ancona.
3. Barbieri, M. (2001b). *Has biosemiotics come of age?* Review of Semiotica 134: 1- 4.
4. Beardsley, T. (1997). *A Clone in Sheep's Clothing A sheep cloned from adult cells opens vast scientific possibilities and ethical dilemmas*. Scientific American March 03
5. Birky, C.W. Jr. (1995). *Uniparental inheritance of mitochondrial and chloroplast genes: mechanism and evolution*. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 92: 11131-11338.
6. Black, D.L. (1998). *Splicing in the inner ear: a familiar tune but what are the instruments?* Neuron, 20, 165-168.
7. Carroll, S.B. (2001). *Genetics : Communication breakdown?* Science 291: 1264-1265.
8. Cattanach, B.M. and Jones, J. (1994). *Genetic imprinting in the mouse: implications for gene regulation*. J. Inherit. Metab. Dis. 17:403-20.
9. Chandler, V.L., Eggleston, W.B. and Dorweiler, J.E. (2000). *Paramutation in Maize*. Plant. Mol. Biol. 43: 121-145.



10. Collier, J. (1986). *Entropy in evolution*. Biology and Philosophy 1: 5-24.
11. Darwin, C. (1859). *On the origin of species by means of natural selection or the preservation of favoured races in the struggle for life*. Murray, London.
12. Davison, D. B. and [Burke](#) J. F. (2001). *Brute force estimation of the number of human genes using EST clustering as a measure*. [IBM Journal of Research and Development](#) 45: 439-448
13. [Dawkins](#), R. (1999). *The Extended Phenotype. The Long Reach of the Gene*. Oxford University Press, Oxford.
14. Dollar, G., Struckhoff, E., Michaud, J. and Cohen, R. S. (2002). *Rab11 polarization of the Drosophila oocyte: a novel link between membrane trafficking, microtubule organization, and oskar mRNA localization and translation*. Development 129: 517-526
15. Drake, J.W., Charlesworth, B., Charlesworth, D. and Crow, J. F. (1998). *Rates of Spontaneous Mutation*. Genetics 148: 1667-1686
16. Giorgi, F., and Nordin, J. H. (1994). *Structure of yolk granules in oocytes and eggs of Blattella germanica and their interaction with vitellophages and endosymbiotic bacteria during granule degradation*. J. Insect Physiol. 40, 1077-1092.
17. Giorgi, F., Yin, L., Cecchetti, A. & Nordin, J.H. (1997). *Yolk utilization in Blattella germanica is sustained by a vitellin-processing pro-protease of maternal origin*. Tissue Cell 29: 293-303.
18. Gitt, W. (1996). *Information, Science and Biology*. Technical Journal 10: 181-187
19. Griffiths, P.E. and Gray, R.D. (1994). *Developmental systems and evolutionary explanation*. Journal of Philosophy XCI (6): 277-304.
20. Griffiths, P.E. and Gray, R.D. (2003). *The developmental system perspective: Organism-environment systems as units of development and evolution. The Evolutionary Biology of Complex Phenotypes*. M. Pigliucci & K. Preston, eds. Oxford University Press.
21. Gurdon, J.B. and Byrne, J. A. (2003). *The first half-century of nuclear transplantation*. PNAS 100, 8048-8052
22. Ho, M.-W. (1998). *Evolution*. In : Comparative psychology, a handbook . Greenberg, G. and Haraway, M.M. eds. Garland Publishing, London.
23. Ho, M.-W. (2001). *Ingegneria genetica. Le biotecnologie tra scienza e business*. DeriveApprodi, Roma.
24. Holmes, F.L. (2002). *Meselson, Stahl, and the replication of DNA. A history of "the most beautiful experiment in biology"* Yale University Press.
25. Huxley, J. (1942). *Evolution – the modern synthesis*. Baker, J.R. ed. George Allan & Unwin Ltd, London.
26. Illmensee, K., Mahowald, A. P. and Loomis, M. R. (1976). *The ontogeny of germ plasm during oogenesis in Drosophila*. Dev. Biol. 49: 40-65.
27. Jablonka, E. and Lamb, M. J. (1998). *Bridges between Development and Evolution*. Biology and Philosophy 13 (1): 119-124.
28. Jokitalo, E. Cabrera-Poch, N., Warren, G. and Shima, D.T. (2001). *Golgi clusters and vesicles mediate mitotic inheritance independently of the endoplasmic reticulum*. J. Cell Biol. 154, 317-330.
29. Keller, E. F. (1999). *Elusive locus of control in biological development: Genetic versus developmental program*. J. Exptl. Zool., 285, 283-290.



30. Keller, E.F. (2000). *The Century of the Gene*. Harvard University Press, Cambridge.
31. Kischner, M. and Gerhart, J. (1998) *Evolvability*. Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 95, 8420-8427.
32. Kitcher, P. (1981), *Explanatory Unification*. Philosophy of Science 48, 507-531.
33. Krippendorff, K. (1986). [A Dictionary of Cybernetics](#). Norfolk VA: The American Society for Cybernetics
34. [Leblanc P, Desset S, Giorgi F, Taddei AR, Fausto AM, Mazzini M, Dastugue B, Vaury C.](#) (2000). *Life cycle of an endogenous retrovirus, ZAM, in Drosophila melanogaster*. J Virol. 74(22):10658-69.
35. Lynch, M., Blanchard, J., Houle, D., Kibota, T., Schultz, S., Vassilieva, L. and Willis, J. (1999). Spontaneous deleterious mutation. Evolution 53: 645-663.
36. Margulis, L. (1995). *Gaia è un osso duro*. In: La terza cultura. Oltre la rivoluzione scientifica. Brockman, J. ed. Garzanti Editore.
37. Martin, S. G., Leclerc, V., Smith-Litière K. and Johnston, D. St. (2003). *The identification of novel genes required for Drosophila antero-posterior axis formation in a germline clone screen using GFP-Staufen*. Development 130, 4201-4215
38. Maynard Smith, J. and Szathmáry, Ę. (2001). *Le origini della vita. Dalle molecole organiche alla nascita del linguaggio*. Biblioteca Einaudi. Torino.
39. Mayr, E. (1982). *The Growth of Biological Thought*. Cambridge, Massachusetts. Harvard University Press.
40. Mayr, E. (1988). *Toward a new Philosophy of Biology. Observations of an evolutionist*. Harvard University Press Cambridge Massachusetts.
41. Millikan, R.G. (1989). *In defense of proper functions*. Philosophy of Science 56: 288-302.
42. Morange, M. (1998). *A history of Molecular Biology*. Harvard University Press. Cambridge MA
43. Morange, M. (2002a). *The misunderstood gene*. Harvard University Press
44. Morange, M. (2002b). *The relationship between genetics and epigenetics. A historical point of view*. Annals of New York Academy of Sciences 981, 50-60.
45. Moss, L. (2002). *What genes can't do*. MIT Press. Boston.
46. Neander, K. (1991). *The teleological notion of function*. Australasian Journal of Philosophy 69, 454-468.
47. Nolfi S. and Parisi, D. (1995). *Evolving artificial neural networks that develop in time*. In: F. Moran, A. Moreno, J.J. Merelo & P. Chacon (eds.). Advances in Artificial Life. Berlin: Springer
48. [Oyama, S., Griffiths, P. E., Gray, R.D.](#), (2001). *Cycles of Contingency: Developmental Systems and Evolution*. Cambridge, MA: MIT Press.
49. Pattee, H. H. (1995). *Evolving self-reference: matter, symbols and semantic closure*. In: Communication and Cognition – Artificial intelligence. Self-reference in Biological and Cognitive systems. 12, 9-27.
50. Pepper, J.W. (2002). *The evolution of evolvability in genetic linkage patterns*. BioSystems 69, 115 – 126.
51. Portin, P. (1993). *The concept of the gene: Short history and present status*. Quart. Rev. Biol., 68, 173-223.



52. Rocha, L.M. (2001). *Evolution with material symbol systems*. Biosystems 60, 95-121
53. Rosenberg A. (2001). *Biology and its Philosophy*. In: Philosophy of Science: Contemporary Readings. [Balashov, Y. and Rosenberg, A. eds., Routledge London.](#)
54. Shannon, C.E. and Weaver, W. (1949). *The mathematical theory of communication*. Illinois University Press. Urbana.
55. Sterenly, K. and Kitcher, P. (1988). *The return of the gene*. J. Philosophy 85, 339-361.
56. Tilghman, S.M. (2000). *Parental Imprinting: A Genetic Battle of the Sexes*. Centennial Lectures on Science and Society. The Rockefeller University.
57. van Speybroeck, L., van de Vijver, G. and de Waele, D. (2002). *From epigenesis to epigenetics : the genome in context*. New York Academy of Sciences, New York.
58. Zubay, G. (1987). *Genetics*. The Benjamin/Cummings Publishing Company, Inc. Menlo Park, California.

Uomo e insetto, due specie a confronto. Le tappe bio-genetiche di un'unica evoluzione

Riccardo Furi, Maria Giulia Fiore

rfuri@interfree.it

mariagiulia.fiore@unifi.it

Abstract

In evolutionary history that produced the human brain, the first environmental change that led to the increased of the brain was at the level of the first mammals, around 220 million years ago. A second expansion of cerebral mass occurred 65 million years ago. During the last 3 million years, the *Australopithecines* have evolved, into *H. habilis*, *H. erectus* and finally *Homo sapiens*. During this last phase of evolution, the volume of the brain has increased from 500 cc to 1500 cc.

The three-fold increase in brain size in less than 3 million years is the greatest evolutionary change occurred in the history of the Mammals!

The development of genomic research in the last decade has identified the HOX genes as the genetic determinant of the development of Brian. The genes that control the development of the brain in all higher organisms including humans belong to the families of genes EMX and OTX. The comparative study of these gene sequences in rat, macaque, chimpanzee and human will contribute to the understanding of quantitative and morphological diversity of these four species. The comparative study of these genes sequences will provide comprehensive answers on the process of intelligence.

Keywords: Evolution, genetics, EMX, OTX, comparative studies

1. Lo sviluppo della teoria dell'evoluzione, epistemologia della morfogenesi

a cura di Riccardo Furi

Una delle domande, tra le più affascinanti, della biologia, è quella relativa a come dall'aggregazione di microscopiche parti di materia si costituisca un organismo; in che modo dal complesso dei singoli meccanismi organici si arrivi a un essere senziente.

Una questione che ha affascinato la scienza della natura già da prima della teoria darwiniana dell'evoluzione; teoria che rivoluzionò gli obbiettivi ed il modo di procedere di quella scienza che diverrà in seguito la moderna Biologia.

Tra il settecento e l'ottocento, le scienze naturali, sebbene fautrici di grandi scoperte per l'epoca, avevano un debito tecnologico e di immaginazione nei confronti delle attuali procedure della ricerca. I grandi biologi di questo periodo come Linneo, sono studiosi di indubbio fermento intellettuale, ma del loro lavoro ci rimane, tuttavia, solo un incompleto quadro tassonomico del vivente.

A dispetto dell'arretratezza tecnologica, le intuizioni della scienza moderna erano comunque orientate verso una visione della realtà autodeterminantesi, autosufficiente e capace di una regolazione interna tale da definire un sistema omogeneo ed equilibrato in tutte le sue parti.



Intellettuali, filosofi e naturalisti, come La Mettrie, Cartesio, Diderot, Malebranche, Maupertuis, Lamarck e numerosi altri, animavano accese dispute nella cornice concettuale di una scienza ancora embrionale che rifiutava il finalismo e contestava la scala temporale biblica, mentre si avanzava l'idea che le forme e le sostanze organiche, in apparenza stabili, fossero il risultato di fortuite combinazioni di materie.

Quale assurdit  vi sarebbe dunque nel pensare che vi siano cause fisiche che hanno fornito tutto e alle quali la catena di questo vasto universo   legata e soggetta cos  necessariamente che nulla di ci  che avviene potrebbe non avvenire, cause la cui ignoranza, assolutamente invincibile, ci ha fatto ricorrere a un Dio che, secondo alcuni, non   nemmeno un essere di ragione? Distruggere il caso non significa provare l'esistenza di un essere supremo, poich  pu  esistere un'altra cosa che non sia n  caso n  Dio, voglio dire la Natura¹

scriveva La Mettrie nell'*Homme machine* nel 1747.

Tuttavia, in questi autori, la teoria *Trasformista* (o *Preformista*) era piuttosto il corollario di una pi  generale visione della natura. Le trasformazioni manifestate nel tempo dagli organismi venivano considerate come le conseguenze di un processo meccanicistico (cieco o finalizzato) che regolasse ed equilibrasse il "sistema natura", come la nutrizione, la generazione e la decomposizione.

Teorie come quella *Preformista*, molto diffusa verso il 1740, ipotizzava un minuscolo *omuncolo* gi  formato, il quale aspettava solo le condizioni adatte per ingrandirsi; una delle questioni pi  importanti per la teoria era stabilire dove questo "seme" fosse contenuto, se nel maschio, come sostenevano gli spermatisti o nella femmina, secondo gli ovisti.

Scriveva Maupertuis:

La difficolt  di comprendere come un corpo organizzato potesse formarsi fece credere ai fisici moderni che tutti gli animali, tutte le piante, tutti i corpi organizzati fossero cos  antichi come il mondo: formati in piccolo dal tempo della creazione, non avevano fatto altro, da quel momento in poi, che svilupparsi e crescere.²

Non   intenzione di questo articolo per  discutere le, inevitabilmente ingenue, risposte date alle domande, oggi fondamentali, della Biologia contemporanea; tra queste, appunto, *quale sia la base materiale della riproduzione degli organismi*.

Questa sintetica introduzione storica ha, invece, lo scopo di evidenziare quanta importanza si celi dietro l'interrogativo sui meccanismi biologici che determinano il processo di costruzione di un organismo e come tutto ci  sia possibile.

Quello che oggi sappiamo sulle leggi biologiche che regolano la materia organica, viene interpretato alla luce della teoria dell'evoluzione, ben diversa, ormai, dalla prima formulazione contenuta ne *l'origine delle specie*, pubblicata nel 1859.

L'opera di Charles Darwin viene ritenuta, ragionevolmente, rivoluzionaria per le scienze naturali dell'epoca. Quando ancora il primo uomo, o la prima donna venivano considerati come i "magazzini" del genere umano, il termine "evoluzione" aveva un significato diverso da

¹ A. La Vergata, *L'evoluzione biologica: da Linneo a Darwin*, Loescher editore (1979), p. 137.

² *Ivi* p. 139.



quello introdotto dal naturalista da Darwin: sinonimo di “sviluppo”, poteva essere assimilato a ciò che oggi viene definito con il termine *ontogenesi*.

L’idea di una discendenza comune per tutte le specie era, allora, assente o addirittura ridicolizzata; la natura era sì considerata autodeterminantesi (costruttrice di se stessa) ma ogni specie veniva ben divisa in una sorta di isolamento biologico. Solo verso la metà dell’ottocento, avviata dal lavoro di Lamarck, emerge l’ipotesi di un processo evolutivo, di interazione tra organismo, ambiente e caratteri ereditari. Molti degli studi di *anatomia comparata* tra uomini, scimmie antropomorfe e altre specie, prepararono il terreno al concetto di *selezione naturale*, pilastro fondamentale dell’evoluzionismo darwiniano. *L’origine delle specie*, che già nel 1876 contava sei edizioni, può essere considerata la “rivoluzione copernicana” delle scienze del vivente; applicando rigorosamente i metodi e gli strumenti analitici della ricerca scientifica dell’epoca, Darwin rovesciò e confutò la maggior parte delle credenze, accumulate nei secoli, a proposito dell’origine e dello sviluppo delle specie viventi, confezionando una teoria esplicativa precisa ed esaustiva, che ancora oggi, nonostante le dovute rielaborazioni, integrazioni, modifiche e critiche, costituisce l’impianto centrale dell’attuale *neo-darwinismo*.

La resistenza da ormai più di un secolo della teoria fondata dal naturalista inglese ne dimostra la bontà e il successo, certo il progresso scientifico, con le sue nuove scoperte, ha permesso di chiarire i punti oscuri o lasciati in sospeso dal darwinismo classico e di correggere le inevitabili imprecisioni che tutti i “pionieri” lasciano in eredità ai nuovi ricercatori forti del progresso tecnologico. Tuttavia, il fulcro teorico su cui si basa tutto il programma di ricerca delle scienze organiche, dalla Biologia molecolare alla sociobiologia, non può prescindere dagli assunti fondamentali della teoria dell’evoluzione, così come formulati da Darwin.

In poche parole: l’evoluzionismo fornisce la chiave di lettura indispensabile di tutta la serie di fenomeni riguardanti il mondo organico.

Al pari della *Teoria della Relatività* di Einstein, o della *meccanica quantistica*, anche la teoria di Darwin è fortemente contro intuitiva, ma sostenuta da numerosissimi fatti empirici acclarati e ha il merito di riunire all’interno della sua cornice concettuale ampi settori scientifici che vanno dalla Chimica alla Paleontologia.

Il punto di partenza di Darwin è il tema della *varietà di forme viventi* che popolano il pianeta (di cui attualmente si contano più di 10 milioni di specie). Il biologo Ernst Mayr nell’opera: *un lungo ragionamento. Genesi e sviluppo del pensiero darwiniano*³, enuclea in cinque punti fondamentali la teoria del naturalista inglese costruita sull’osservazione delle numerose variazioni e somiglianze presenti nei *piani corporei* delle specie (*Bauplan*), molte delle quali, tra loro affini, collocate in *habitat* lontanissimi.

Il primo punto da sottolineare è la concezione del *processo evolutivo come meccanismo biologico* regolato da leggi specifiche senza alcun tipo di finalismo; il secondo punto afferma *la discendenza di tutte le specie da un unico ceppo ancestrale* attraverso progressive e graduali trasformazioni ereditate dai discendenti, il punto numero tre, strettamente collegato, descrive *le possibilità ipotetiche della nascita di nuove specie*; il quarto punto esposto da Darwin riguarda il *ritmo del cambiamento* mentre nel quinto punto viene esposta la legge in grado di realizzare il processo evolutivo: *la selezione naturale*.

³ E. Mayr, *Un lungo ragionamento. Genesi e sviluppo del pensiero darwiniano*, Bollati Boringhieri, Torino (1994).



“Darwin sfidò l’idea che il mondo fosse immutabile, che la terra avesse soltanto 4000 anni di età e non invece i milioni di anni necessari all’evoluzione; che la diversità del vivente fosse imputabile ad un atto di creazione da parte di un dio benevolo; che l’uomo avesse una collocazione privilegiata al centro del creato; che la mente umana avesse un’origine speciale; che nella natura fossero iscritte cause finali e principi teleologici. Tutto ciò fu messo in discussione dal «lungo ragionamento» di un solo uomo, fermamente convinto della propria concezione della vita fondata sulla diversità, sull’evoluzione che ne consegue e sul primato della storia”.⁴

Il nucleo centrale della *Teoria dell’Evoluzione*, così diviso in cinque punti ha resistito a talmente tante critiche durante gli anni da diventare una conoscenza comune; tuttavia lo sdoganamento divulgativo presenta non poche imprecisioni, come ad esempio il concetto della citata *Selezione Naturale*, sintetizzato nell’espressione “sopravvivenza del più adatto”.

Prima di introdurre un’analisi dei concetti evolutivi che interessano nello specifico l’argomento di questo articolo, è doveroso, almeno schematicamente considerare quello che è stato lo sviluppo storico dell’evoluzionismo.

Fina dai primi tempi della pubblicazione la teoria ha suscitato opinioni controverse, sia per l’esclusione di qualsivoglia progettualità (divina o meno) sia per le inesplicite lacune su come rappresentare le improbabili “vie di mezzo” tra la specie originaria e la sua mutazione; molte lacune però, già dalla prima metà del 900 poterono essere colmate, il mondo scientifico accademico considerava la teoria di Darwin come la migliore e la più accreditata non solo dalle discipline specifiche come quelle biologiche ma anche da numerose intersezioni con la paleontologia e l’archeologia.

Dal 1953, dopo il lavoro di Crick e Wallace, il mondo può contare sul modello a doppia elica del DNA e una prima definizione di gene quale *unità microevolutiva di base*: viene scoperto il meccanismo capace di trasmettere i caratteri ereditari intuito da Darwin.

Nei primi anni ’30, fino oltre la metà del ’900, l’eredità di Darwin rappresenta le fondamenta di una teoria costruita con ampio respiro interdisciplinare, comunemente definita come la *Sintesi Moderna* del darwinismo o *neo-darwinismo*; la valanga di nuovi dati portati dalla genetica e dalle più svariate discipline che hanno contribuito al successo dell’evoluzionismo, hanno aperto accesi dibattiti relativi alla interpretazione e organizzazione di questi nel nuovo orizzonte concettuale post darwiniano. Progressivamente, grazie ai risultati della sperimentazione scientifica, i miglioramenti della tecnologia di ricerca e sistemi di datazione più precisi dei fossili, molte lacune del darwinismo “classico” sono state corrette, integrate, o sostituite, non sempre in modo indolore; è grazie agli sforzi degli scienziati, comunque, se oggi con buona approssimazione siamo in grado di dare un resoconto della storia delle specie viventi nell’ultimo miliardo di anni, e seppur con minor affidabilità, anche dei precedenti tre, nei quali, si suppone, ancora la vita non fosse esplosa.

1.1 Ritmo evolutivo e selezione naturale

Uno tra i più accesi dibattiti che hanno contrapposto diverse fazioni di evoluzionisti riguarda un punto centrale della teoria: la natura del *ritmo evolutivo*; in un saggio del 1972 due giovani

⁴ T. Pievani, *Introduzione alla filosofia della biologia*, Editori Laterza, (2005), p. 9.



paleontologi dell'American Museum Of Natural History di New York, Eldrege e Gould, proposero un'interpretazione dei ritmi di mutazione, selezione e speciazione, innovativa, detta: *Teoria degli Equilibri Punteggiati* o, talvolta, *puntuazionismo*.

La teoria si contrapponeva decisamente alle ipotesi allora in voga nella Sintesi Moderna, derivanti dall'impianto centrale della teoria classica, che descriveva il ritmo dell'evoluzione come graduale e progressivo in cui specifici meccanismi sono incessantemente all'opera, da cui la teoria prendeva il nome di *Gradualismo*.

Il saggio dei due paleontologi americani (*Gli equilibri punteggiati: un'alternativa al gradualismo filetico*⁵) contesta, a loro giudizio, delle inadeguatezze del *Gradualismo*: il ritrovamento dei fossili, datato con il *carbonio 14*, dimostra come in corrispondenza ad alcuni eventi ecologici anomali (ad esempio la misteriosa esplosione della vita pluricellulare del *Cambriano* o la comparsa di tutte le più comuni specie di piante dotate di fiori all'inizio del *Cretaceo*) si siano verificati dei *picchi evolutivi*. La documentazione fossile conferma un *ritmo evolutivo incostante* e *contingente* a modificazioni dell'ambiente più o meno profonde, con i nuovi dati a disposizione il *puntuazionismo* poteva tentare di dare una risposta alla più frequente critica mossa all'evoluzionismo gradualista riguardo l'assenza degli "anelli intermedi" che mostrassero la progressiva trasformazione delle specie. Attraverso un radicale rovesciamento concettuale il punto di vista puntuazionalista sostiene che, al contrario, la principale caratteristica delle specie è la stabilità della struttura morfologica: l'organismo è un sistema omeostatico regolato da *vincoli* genetici che tendono ad una duplicazione fedele e quasi perfetta delle caratteristiche corporee.

Le mutazioni sono dunque contingenze statistiche dovute maggiormente a due motivi: 1) replicazioni imprecise del DNA, risultato di una copiatura imperfetta del codice genetico dei genitori. "Il meccanismo di replicazione è eccezionalmente accurato, ma non perfetto: introduce un errore ogni miliardo di caratteri (A, G, C o T) copiati. Potrebbe sembrare una frequenza assolutamente irrilevante, ma se si considera che il nostro genoma è formato da tre miliardi di caratteri si comprende che qualche errore è praticamente inevitabile, in qualsiasi condizione."⁶ 2) Alla selezione operata dal rapporto *organismo-ambiente*, in relazione alla pressione esercitata dall' *eco-sistema* può aprirsi una "breccia" nella barriera costituita dai *vincoli* morfogenetici e "costringere" l'organismo a mutare. La mutazione è "casuale", nel senso di non essere "diretta" verso alcun fine o progetto, ma definita da una serie di variabili di livello microfisico imprevedibili; pur tuttavia sappiamo che l'evoluzione è un processo determinato, algoritmico, che unisce l'azione combinata della *mutazione genetica* e della *pressione ambientale*.

Questa azione congiunta di fattori genetici e ambientali (definito come il *Sistema di Sviluppo*⁷) si realizza nella *selezione naturale*: il concetto centrale dell'evoluzionismo, spesso

⁵ N. Eldrege e S.J.Gould, *Gli equilibri punteggiati: un'alternativa al gradualismo filetico*, in ⁵ N. Eldrege, *Strutture del tempo*, Hopefulmonster, Firenze (1991), pp. 60-221.

⁶ E. Boncinelli, C. Tonelli, *Dal moscerino all'uomo: una stretta parentela*, Sperling & Kupfer, (2007), p. 5.

⁷ La D.T.S (*Development System Theory*), tradotta come *Teoria dei Sistemi di Sviluppo*, descrive un sistema di sviluppo genetico-ambientale come una eterogenea e causalmente complessa miscela di entità interagenti e di influssi che producono il ciclo di vita di un organismo; il concetto viene espresso chiaramente per la prima volta in Susan Oyama, *The Ontogeny of Information. Developmental Systems and Evolution*, Second edition revise and expanded, Duke University Press, Durham (NC) 2000.



erroneamente sintetizzato come “la sopravvivenza del più adatto”. Cosa significa, però, alla luce dell’ipotesi di un *sistema di sviluppo* casuale? Fino alla piccola rivoluzione concettuale innescata dalla *Teoria degli Equilibri punteggiati*, la caratteristica adattativa in grado di favorire il successo di una specie, mentre altre non adatte si avviavano all’estinzione, veniva considerata come l’effetto progettuale di modificazioni accumulate nel tempo allo scopo di ottimizzare le caratteristiche strutturali e comportamentali dell’organismo: un processo che si manifestava, al momento opportuno, a livello ontogenetico, per poi costituire una nuova specie. I dati osservati dalla Genetica e dalla Paleontologia, interpretati con l’aiuto degli studi *popolazionistici*, rovesciano il modello della *Sintesi Moderna* e descrivono il successo della specie mutata come un evento contingente.

Le mutazioni, nella maggior parte dei casi non hanno successo, bensì sono normalmente destinate all’estinzione finché una mutazione non presenta una, o più, caratteristiche utili alla sopravvivenza. Se la selezione avrà successo dipenderà dall’incremento riproduttivo successivo e quindi dalla diffusione di quel carattere che lo ha favorito; in questo senso si dice che la *selezione naturale* “vede” e “premia” il più adatto: quando la caratteristica sviluppata viene ereditata in un numero di discendenti che supera quello della specie originaria.

È possibile analizzare, quindi, la bontà di una caratteristica adattativa solo retrospettivamente, ed è grazie alla biologia evolutiva se oggi possiamo raccontare l’affascinante processo di diversificazione che ha prodotto l’immense elenco delle specie (ancestrali, estinte e attuali) dal più semplice organismo, come la spugna di mare, a quelli più complessi come l’uomo.

1.2 Il concetto di adattamento

Possiamo adesso isolare alcuni concetti utili e avvicinarci decisi all’oggetto specifico di questo articolo: i *geni omeotici* o *geni Hox*, tenendo presente le osservazioni fin qui accumulate e sintetizzabili in tre passaggi tra loro collegati.

La prima osservazione sottolinea la probabilità altamente reale dell’ipotesi *puntuazionista* sul *ritmo evolutivo*; essa ci fornisce un quadro esplicativo temporale sugli sviluppi filogenetici deducendone anche le possibili cause ed evidenzia il ruolo di primo piano della pressione adattativa dell’ambiente. Conclusione da cui segue una seconda osservazione, sul funzionamento della *selezione naturale* che, come abbiamo visto, è un processo che filtra le mutazioni casuali dell’organismo, eliminandole, o premiandole, in relazione al proprio *sistema di sviluppo*. Ovvero, essa agisce su tutte le *unità evolutive*: le unità di micro livello (*i geni*), di medio livello (l’individuo, l’organismo) e di macro livello (l’organismo + la specie + l’ambiente), ogni livello interagisce col successivo in modo contingente secondo le variabili in gioco.

È possibile quindi sostenere che in relazione a particolari modificazioni ambientali la spinta evolutiva è più forte e che la selezione elimina (molte) e premia (poche) mutazioni, tuttavia non è stato detto ancora niente sui “prodotti” della *selezione naturale*: cosa significa per un individuo aver sviluppato una caratteristica “adatta” alla sopravvivenza?

La nozione di “adattamento” è tra le più articolate della storia dell’evoluzionismo poiché è la nozione centrale che definisce un carattere ereditario; come spiegare un organo così sofisticato come l’occhio umano o l’ala di un uccello? l’imponente palco di corna del cervo,



pesante e ingombrante, è un adattamento *perché* favorisce la selezione sessuale? Dobbiamo considerare queste caratteristiche come “progettate” alla funzione che svolgono? E la corteccia cerebrale è un adattamento?

Come per i due concetti già trattati, anche con l’adattamento i neo-darwinisti della Sintesi Moderna hanno seguito a lungo l’ipotesi gradualista, e similmente, anche in questa circostanza è avvenuto un rovesciamento concettuale: quasi certamente l’emergere di un nuovo carattere non dipende da una finalizzazione progettuale, ma solo dall’utilità, o inutilità, presente.

“L’evoluzione non si occupa mai di futuro ma di vantaggi e di svantaggi nel presente. Ciò che conta è che vi sia una continuità nel successo riproduttivo differenziale, cioè nell’azione della selezione naturale, e non tanto una continuità nella funzione assunta dal singolo organo.”⁸

Il nodo centrale del concetto riguarda il rapporto tra forma e funzioni, ovvero tra le particolari forme degli organismi e il loro ruolo nello svolgimento dei compiti dell’individuo; l’analisi di questo rapporto è basata dai principi di ridondanza dell’evoluzione: il primo sostiene che non c’è una correlazione “uno-a-uno” tra struttura e funzione, una singola funzione può essere espletata da più organi; il secondo principio afferma, invece, la possibilità di un organo di assolvere a più funzioni, attualmente o potenzialmente attive o pronte per essere realizzate. Tuttavia l’esistenza di una struttura avente una particolare funzione non è la prova di un adattamento finalizzato, anzi, questo è esattamente l’equivoco cui abitualmente rischiamo di cadere.

“L’adattamento diviene in tal senso la struttura scelta attivamente dalla selezione naturale per massimizzare la trasmissione genetica, un espediente per facilitare la diffusione dell’informazione genetica di un organismo, processo che reca vantaggio all’organismo stesso. Non esiste un “fine” iscritto nella natura (*Teleologia*), tuttavia le strutture viventi, a differenza dei corpi inerti studiati dalla fisica, hanno funzioni e scopi (*Teleonomia*). Così la confusione terminologica fra *adattamento come processo* (il meccanismo selettivo che filtra le varianti migliori per un contesto) e *adattamento come prodotto* (il risultato finale espresso in un organo o un comportamento) generò fraintendimenti.”⁹

I paleontologi Stephen J. Gould ed Elisabeth Vrba, in un saggio del 1982 dal titolo *Exaptation, a Missing Term in the Science of Form*, esponevano una dettagliata analisi allo scopo di definire esattamente tutti i tipi di adattamento. In particolare il lavoro si orienta sulla discriminazione di tutti i caratteri adattativi, definiti *aptations*, ovvero tutte le caratteristiche in qualche modo utili per il benessere degli organismi.

Gli *aptations* sono costituiti da due tipologie formanti due sottoinsiemi: 1) gli *adaptations*, ovvero tutti i caratteri formati che espletano una funzione attualmente attiva; 2) gli *exaptations*, il sottoinsieme di caratteri che ricoprivano una funzione dismessa, o non ne ricoprono nessuna, ma potenzialmente disponibili a un uso successivo, pronti ad una cooptazione. La nozione di *exaptation*, così analizzata, ci permette di concludere che nel rapporto tra forma e funzione di un adattamento, non sempre la funzione precede la forma, determinandola, non c’è una continuità epistemologica tra “successo” e “progetto” in natura. Una seconda considerazione suggerisce che è difficile ricostruire, in modo esatto e coerente, il passaggio dalla forma originaria al soddisfacimento della funzione, e, inoltre, getta una nuova

⁸ T. Pievani, *Introduzione alla filosofia della biologia*, Editori Laterza, (2005), p.148.

⁹ T. Pievani, *op.cit.*, Editori Laterza, (2005), p. 150.



luce sul ruolo interpretativo della biologia morfologico-strutturale nel comprendere l'interazione tra i *vincoli* genetici interni e la pressione ambientale. I vincoli (constraints) sono rappresentati dai geni omeotici, meccanismi di livello superiore che accendono o spengono geni di livello inferiore preposti alla costruzione dell'organismo: è sufficiente una mutazione a livello dei geni omeotici (Homeobox, Hox) perché il cambiamento investa profondamente la struttura dell'organismo. "Fenomeni biologici come l'allometria, la simmetria bilaterale, l'assenza di strutture motorie circolari, lo stile cognitivo animale di decisione si-no fondato su stimoli evocatori semplici, la predilezione per arti superiori con cinque dita dimostrano l'incidenza di canali primari dello sviluppo «architettonico» individuale: canali che poi si mescolano e si integrano con le variazioni indotte dalla particolare storia della specie e dell'individuo. Le vie ontogenetiche sono l'eredità ancestrale, le tracce della storia profonda che si mescolano e si ibridano con le tracce di storie «locali». La selezione, in sostanza, non ha i poteri di un ingegnere, ma quelli di un *bricoleur* che opera con le parti di cui dispone, generando da poche strutture originarie una grande varietà di forme."¹⁰

2. Origine e filogenesi degli organismi sulla terra

a cura di Maria Giulia Fiore

La Storia dell'Universo e della Terra può essere divisa in tre grandi periodi: quello *chemiogenetico*, quello *biogenetico* e quello *cognogenetico* (Chiarelli, 2003).

Lo stadio *chemiogenetico* è caratterizzato dalla produzione di composti chimici complessi originatisi mediante meccanismi quale l'aggregazione cosmica primitiva. Meccanismi non di tipo replicativo, non tali cioè da consentire la formazione di un composto mediante la replica di una identica struttura.

Dopo la lunga *fase chemiogenetica* della storia della Terra, intorno a 4 miliardi di anni fa, compaiono due polimeri con particolari caratteristiche, gli "acidi nucleici", acido ribonucleico (RNA) e acido desossiribonucleico (DNA), che iniziano su questo Pianeta la *fase biogenetica*.

Il DNA determina la sequenza delle sue proprie repliche e di quei materiali, come le proteine e in particolare gli enzimi, che costituiscono le cellule e gli organismi e ne regolano il metabolismo.

Su questo polimero, la Natura ha compiuto, a caso, "errori" di duplicazione e la Selezione Naturale ha scelto fra quegli "errori" quelli più adatti, dando luogo all'enorme varietà di forme di vita attualmente esistenti sulla Terra. La vita sulla Terra si è sviluppata per 3 miliardi e mezzo di anni sotto forma di essere unicellulari. Solo intorno a 600 milioni di anni fa compaiono i primi esseri pluricellulari con differenziazione funzionale delle diverse cellule che li compongono (Chiarelli, 2003).

La storia evolutiva dei Primati, ricostruita attraverso i resti fossili, le indagini molecolari e le informazioni paleogenetiche, ha permesso di stabilire con buona approssimazione la comparsa delle prime forme preumane (circa 7 milioni di anni fa), e di tracciare poi la storia che ha portato all'attuale *Homo sapiens* (Chiarelli, 2003).

¹⁰ T. Pievani, *op.cit.*, Editori Laterza, (2005), pp. 154-155.



In questo contesto l'Antropologia, quindi, trova una sua specifica collocazione come la Scienza che si occupa degli aspetti biogenetici riguardanti il gruppo di Primati, dell'origine fisica dell'Uomo nonché dell'origine e dei processi evolutivi fondamentali della cognogenesi. Una scienza quindi che deve integrare il metodo sperimentale con il metodo storico, in cui le informazioni devono essere costantemente controllate e confortate attraverso una ragionata collocazione storica e funzionale (Chiarelli, 2008).

Durante la storia evolutiva che ha portato all'incremento della massa cerebrale umana, il primo cambiamento ambientale correlato allo sviluppo delle funzioni cerebrali, è stato quello che ha segnato la comparsa dei primi Mammiferi intorno a 220 milioni di anni fa. Il secondo incremento di massa cerebrale avvenne circa 65 milioni di anni fa, all'inizio del Cenozoico, con il lussureggiare di una nuova specie esplosa in tutte le sue forme, compresi i Primati. Intorno a 12 milioni di anni fa la regione della Rift Valley africana iniziò a subire profondi mutamenti con l'avvento di un clima più secco per cui la maggior parte della foresta si trasformò in boschi con arbusti e praterie. Intorno a 5 milioni di anni fa in questo nuovo ambiente fecero la loro comparsa le *Australopithecine*, con postura eretta e un maggior quoziente di encefalizzazione (Fiore, 2007) (Fig. 1).

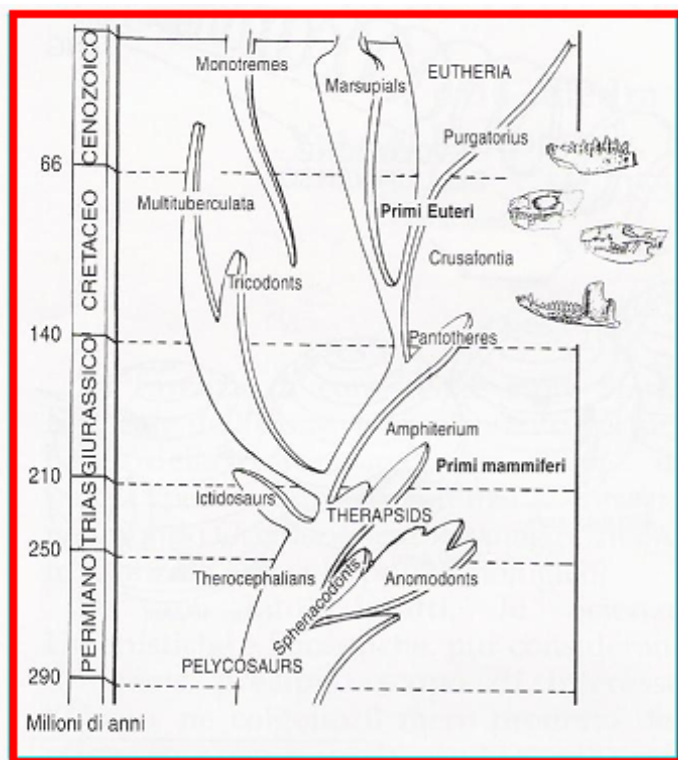


Fig. 1 Evoluzione degli organismi sulla Terra (tratto da Chiarelli, 2003)

In 3 milioni di anni, le *Australopithecine* si evolvettero in *Homo habilis* e quindi in *Homo sapiens*. Durante queste fasi evolutive, le dimensioni della massa cerebrale passò da 500 a 1500cc. Il tasso di incremento da uno a tre della massa cerebrale in circa 2 milioni di anni è il maggior cambiamento quantitativo mai realizzatosi nella storia evolutiva dei Mammiferi, poiché esso ha richiesto un tempo biologico di non più di centomila generazioni (Chiarelli, Fiore, 2008).



3. Evoluzione ontogenetica del cervello nell'uomo e nelle antropomorfe

a cura di Maria Giulia Fiore

Introduzione

Nell'ultimo decennio le ricerche di embriologia sul cervello umano hanno avuto un forte avanzamento, specialmente nella conoscenza delle prime fasi che vanno dallo zigote al suo impianto nell'utero.

L'indagine sviluppata ha consistito innanzitutto nella individuazione delle sequenze di questi geni nel genoma umano recentemente standardizzate, e successivamente nell'individuare questa localizzazione nei genomi sequenziali di Uomo, Topo, Scimpanzé e di Macaca. Questa comparazione fornisce informazioni utili per l'evoluzione della encefalizzazione umana, e spiega nuovi passaggi evolutivi che hanno accompagnato e contraddistinto la comparsa e lo sviluppo del cervello negli organismi a simmetria bilaterale.

A livello dei mammiferi importante è la ricostruzione genetica delle tappe che hanno portato alla struttura del cervello trino (Mac Lean, 1964) e per l'Uomo allo sviluppo della neocorteccia con tutte le implicazioni che essa ha per la cognizione e la plasticità sociale.

Le conoscenze del genoma eucariotico e lo sviluppo delle conoscenze embriologiche hanno apportato nuovi strumenti cognitivi per lo studio della morfogenesi. Fra questi, i geni HOX, organizzati in una super-famiglia di sequenze geniche comprendente più di 49 differenti famiglie, regolano un particolare aspetto dello sviluppo. Queste sequenze genomiche, contengono circa 180 paia di basi identiche, e risultano indispensabili, nell'identificazione embrionale dei vari segmenti costitutivi dell'organismo e nell'identificazione di determinate strutture del sistema nervoso dei vertebrati, quindi anche dell'Uomo.

La loro funzione è quella di esprimere *prodotti regolatori*, attivando altri geni che a loro volta ne attivano altri a cascata con il risultato finale di indirizzare lo sviluppo delle cellule e dei tessuti in una particolare direzione, ovvero di agire sulla morfogenesi. I geni della famiglia HOX, pertanto giocano un ruolo importante nelle fasi di sviluppo del piano corporeo durante l'embriogenesi (Boncinelli, 2006). Nell'Uomo, il Sistema Nervoso centrale rappresenta l'insieme di "organi" più complesso dell'embrione.

In tutti gli animali, sia Vertebrati che Invertebrati, neuroni di diversa forma e funzione si organizzano fra loro per realizzare connessioni specializzate, dando vita ad una fitta rete di comunicazione (Fiore, 2007). Lo studio dei geni HOX, assume, un ruolo essenziale per le ricerche filo-ontogenetiche per i mammiferi e in particolare per l'Uomo, costituendo quindi un capitolo importante delle Scienze antropologiche (Chiarelli, Fiore, 2008).

L'encefalo dell'adulto consiste in un numero di regioni e subregioni che sono caratterizzate da diversi tipi di cellule derivanti dal *neuro-ectoderma* dell'embrione (Acampora *et al*, 2001). Durante lo sviluppo encefalico, queste regioni si organizzano attraverso un meccanismo preciso che conferisce a differenti tipi di cellule nervose differenti identità regionali. Lo sviluppo del Sistema Nervoso Centrale è dunque il risultato di un complesso processo caratterizzato da fenomeni induttivi *sequenziali e coordinati*.



I geni HOX guidano la dislocazione dei neuroni nelle diverse aree cerebrali. Durante lo sviluppo embrionale nell’Uomo, vanno a formare la regione *rettaliana*, *paleomammaliana* e *neomammaliana* del cervello umano. Nell’Uomo particolare importanza ha lo sviluppo della porzione *neomammaliana* per l’enorme incremento della *neocortex*, costituita dalla moltiplicazione di singole colonne neuronali, che nella nostra specie si incrementano anche in fase post-natale (Chiarelli, Fiore, 2008).

I geni che controllano lo sviluppo dell’encefalo vero e proprio in tutti i Vertebrati compreso l’uomo, appartengono alle famiglie di geni EMX e OTX. I [geni Homeobox](#), scoperti nei primi anni ‘80 in *Drosophila melanogaster*, regolano vari aspetti della morfogenesi degli organismi pluricellulari, sia animali che vegetali (Mc Ginnis, 1994). Due sono le particolarità che li contraddistinguono: la loro presenza in tutte le specie viventi (dal moscerino della frutta all’Uomo) e la caratteristica, di essere praticamente identici fra loro nelle primissime fasi dello sviluppo embrionale. Possono essere paragonati alle *cellule staminali*, le quali, all’origine identiche fra loro, sono poi in grado di differenziarsi in tutti gli altri tipi di cellule.

3.1 Studio morfogenetico dei geni homeobox intesi come fattori trascrizionali

La famiglia dei geni HOX è importante poiché i suoi geni giocano un ruolo chiave nelle fasi di sviluppo del *piano corporeo* durante l’embriogenesi degli animali. Dall’analisi dei geni HOX di vari organismi risulta inoltre che il numero totale di questi geni, presenti nel genoma di un organismo, ne determina la complessità (Galliot, 1999).

Nella *Drosophila melanogaster* (il moscerino della frutta), i due gruppi principali di geni HOX, sono rappresentati da due tipi di complessi, l’*antennapedia* (che regola i segmenti della testa e del torace anteriore) e il *bithorax* (che regola invece i segmenti toracici posteriori e addominali).

Mutazioni di questi geni convergono completamente o parzialmente la forma di un segmento corporeo in un’altra, per cui gli individui mutanti *bithorax* esibiscono ali al posto dei bilancieri normalmente localizzati sul terzo segmento toracico, mentre nei mutanti *antennapedia*, si ha lo sviluppo di arti al posto delle antenne (**Fig. 2**) (**Fig. 3**).

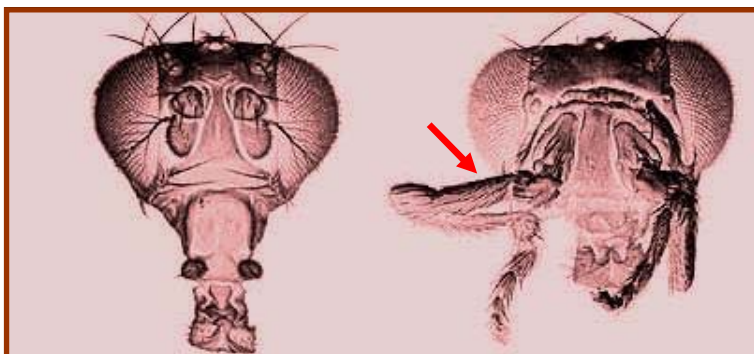


Fig. 2 Mutazione Antennapedia: faccia anteriore della testa di drosophila (a sinistra) e suo mutante (a destra) (immagine modificata tratta da: www.biology.arizona.edu/developmental_bio/problem_sets/Developmental_Mechanisms/07t.html)

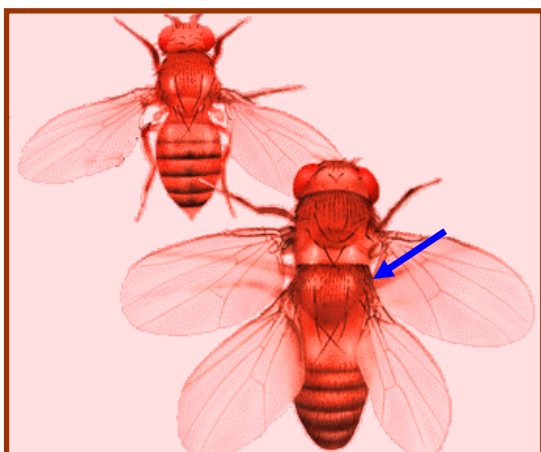


Fig. 3 Mutazione *Bithorax*. Questa tipo di mutazione trasforma il terzo segmento toracico nel secondo segmento toracico (immagine modificata tratta da: <http://www.nobel.se/illpres/medicine-1995/lewis.html>)

Nei vertebrati, questi geni organizzati in gruppi di ripetizioni di unità altamente simili, sono distribuiti in quattro *clusters*. Essi sono situati sui cromosomi 2,7,12 e 17 nell'uomo e 2,6,11 e 15 nel topo.

Nell'Uomo, il sistema nervoso rappresenta l'organo con maggiori prospettive evolutive dell'embrione. Lo studio dei geni HOX, è quindi, un aspetto essenziale non solo per l'antropologia fisica, ma anche per gli aspetti delle capacità cognitive umane.

Durante le prime fasi dello sviluppo embrionale si sviluppano le strutture che consentiranno l'organizzazione del sistema nervoso. Tutto inizia nella fase di gastrula, quando i tre foglietti embrionali, *ectoderma*, *endoderma* e *mesoderma*, attraverso particolari e specifici movimenti cellulari, vengono posizionati correttamente uno rispetto all'altro, formando nuove relazioni tessutali. Durante lo sviluppo dell'organo pineale, sono molti, i geni HOX espressi in questa regione fin dagli stadi più precoci dell'embriogenesi (Sanjuan, 2006).

Risulta importante quindi, capire come l'acquisto o la perdita di geni Homeobox, cambi drasticamente il destino evolutivo e le caratteristiche fenotipiche dei differenti organismi.

3.2 Storia evolutiva dei geni HOX

I caratteri fenotipici comuni tra organismi diversi possono essere ricondotti alla conservazione dei geni HOX, mentre i caratteri diversi sono determinati da geni Homeobox che hanno subito una differenziazione funzionale (a seguito di un fenomeno di duplicazione) oppure dalla perdita di alcuni di questi geni (Gaudet, 2002).

Sono state analizzate le 49 differenti famiglie di geni Homeobox appartenenti a 11 organismi animali a simmetria bilaterale (dagli Insetti, ai Vertebrati fino ad arrivare all'Uomo). Attraverso la ricostruzione della filogenesi animale fino all'Uomo, (utilizzando i dati genetici attuali e quelli presunti di comuni antenati), è stata ricostruita la storia dell'evoluzione dei geni homeobox nell'ultimo mezzo miliardo di anni. I risultati forniscono importanti dati che stanno alla base dei passaggi evolutivi che si sono verificati durante la comparsa degli organismi a simmetria bilaterale (Weigel, 1989; Lai, 1990).

Le evidenze possono essere riassunte nei seguenti punti:



- i vertebrati possiedono in generale un numero almeno doppio di geni HOX rispetto agli invertebrati (200 contro 80-100): alcune famiglie possiedono da due a quattro volte il numero di geni delle corrispondenti famiglie degli invertebrati.
- tra i vertebrati, il numero dei geni HOX è aumentato in due differenti periodi di tempo: durante i primi stadi dell'evoluzione dei celomati, e nei primi stadi dell'evoluzione dei vertebrati. Da un punto di vista temporale, l'evoluzione di questi geni coincide con l'aumento generale del numero totale di geni nel genoma degli organismi considerati.
- i primi ominidi possedevano già geni HOX (almeno 88), segno della loro già elevata complessità fenotipica.

Inoltre, studiando la conservazione e la perdita di geni Homeobox ancestrali nelle undici specie attuali, tra i vertebrati sono stati ritrovati tutti i geni di antenati comuni, e si sono formate anche nuove famiglie (Liebermann, 2007).

Dalla loro scoperta nel 1983 dunque, questi geni, risultano svolgere ruoli importanti nei processi inerenti lo sviluppo di molti organismi multicellulari (Fig. 4).

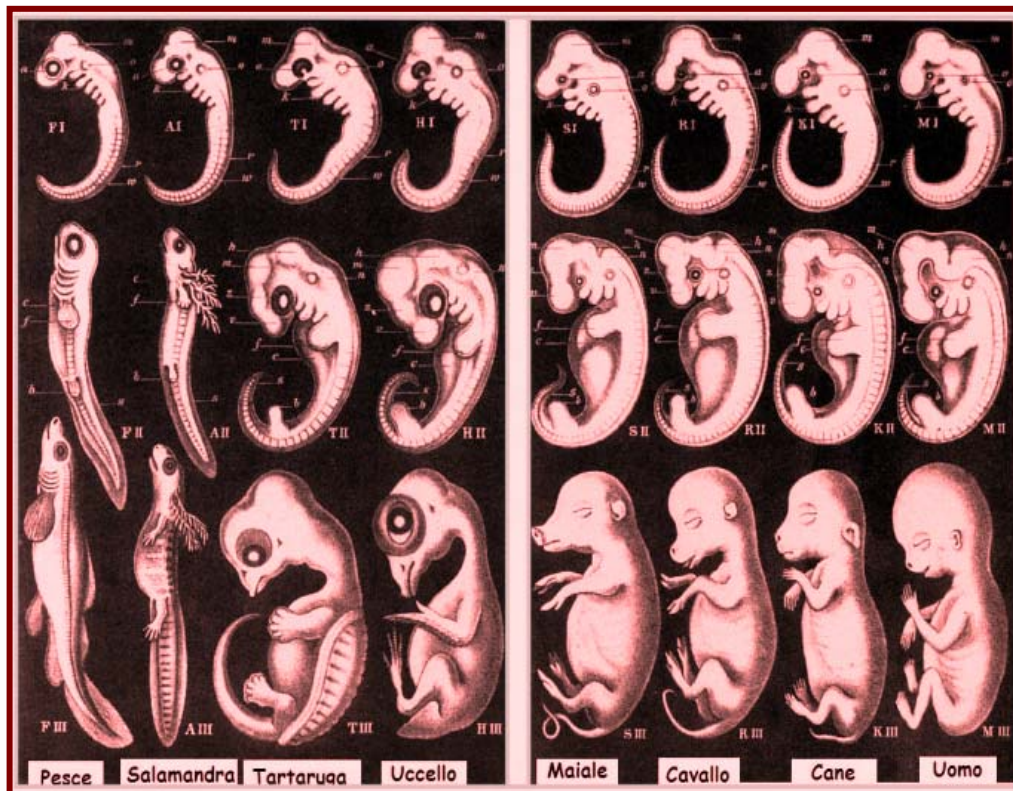


Fig. 4 Gli embrioni di vertebrati diversissimi fra loro come pesci, polli, conigli ed esseri umani, mostrano grandi somiglianze nelle prime fasi dello sviluppo. I moscerini della frutta (*Drosophila*) e gli altri invertebrati, si sviluppano con modalità assai diverse, ma negli stadi più precoci hanno anche loro in comune con i vertebrati l'espressione dei geni homeobox. Questa scoperta, rivela che anche se l'aspetto degli animali adulti è molto diverso, i geni che specificano le varie parti del corpo lungo l'asse antero-posteriore (asse testa-coda) hanno stretta affinità. (immagine tratta da: McGinnis e Kuziora, 1994, modificata)

3.3 I geni HOX e le Neuroscienze: regolazione delle famiglie OTX e EMX implicati nella morfogenesi ed evoluzione del cervello umano

Il cervello adulto consiste in un numero di regioni e subregioni che sono caratterizzate da diversi tipi di cellule derivanti dal foglio neuroepiteliale dell'embrione. Durante lo sviluppo del



cervello, queste regioni sono specificate da un meccanismo preciso che conferisce ai tipi differenti di cellule l'identità regionale adatta (Rubinstein *et al.*, 1998; Acampora *et al.*, 2001, 1999, 1995). *Bsh* (Brain specific homeobox) è ad esempio, un gene HOX di *Drosophila*, espresso in maniera esclusiva nel cervello in sviluppo (Bürglin., 2002).

Emx1*, *Emx2*, *Otx1* e *Otx2 sono invece quattro geni studiati per il loro ruolo nello sviluppo delle regioni rostrali del cervello. L'elevata espressione diffusa di *Otx1* e *Otx2* nel cervello embrionale è limitata nell'adulto alla ghiandola pineale (Katoh, 2000).

I geni *Otx1* e *Otx2* svolgono un ruolo primario nella specificazione precoce, nella successiva regionalizzazione e differenziamento neuronale. Recenti ricerche hanno permesso di approfondire la comprensione delle loro proprietà. Questi risultati sono stati ottenuti principalmente sul topo. Per quanto riguarda le loro funzioni, *OTX1* determina la corticogenesi e lo sviluppo corretto degli organi visivi e acustici; *OTX2* determina l'induzione primaria del neuroectoderma. Altrettanto fa *EMX2*, fino a che non interviene *EMX1* (che durante lo sviluppo embrionale è l'ultimo dei quattro geni a entrare in funzione, attivo nella regione più ristretta che comprende la parte dove si formerà la futura corteccia), che completa l'opera determinando la corteccia cerebrale, che è da considerare l'ultima acquisizione dei mammiferi in termini evolutivi (Boncinelli 2001)(Fig. 5).

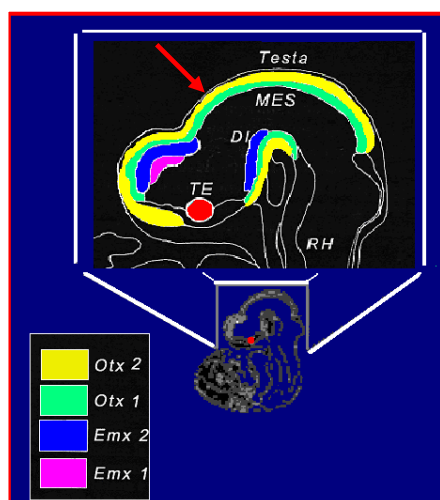


Fig. 5 I geni della testa. Rappresentazione schematica dei domini d'espressione dei geni EMX e OTX nel sistema nervoso centrale di un embrione di topo di dieci giorni. Le regioni del cervello sono: telencefalo (TE), diencefalo (DI), mesencefalo (MES) e romboencefalo (RH). (Fiore, 2007. Atti del XVII Congresso degli Antropologi Italiani. Cagliari, 27-29 Settembre 2007, immagine modificata)

I dati più recenti indicano che uno dei ruoli primari dei geni *OTX1* e *OTX2* è quello di controllare l'espressione ai centri organizzatori primari. (Golino *et al.*, 2006). Questa loro azione garantirebbe la corretta informazione posizionale ai neuroni indifferenziati. Un'alterazione di questo meccanismo determina profondi cambiamenti nella struttura del cervello, nel differenziamento e nella proliferazione neuronale (Holland *et al.* 2005; Simeone *et al.*, 2006).



3.4 Studio comparativo delle differenti sequenze geniche delle specie esaminate

Durante la storia evolutiva che ha condotto all'elevato *psichismo* umano, in tre milioni di anni, le *Australopithecine* si sono evolute in *Homo habilis* e quindi in *Homo sapiens*. Le dimensioni della massa cerebrale sono passate da 500 a 1500cc, realizzando il cambiamento quantitativo più veloce mai realizzatosi nella storia dei Mammiferi.

Attraverso l'utilizzo di una linea guida filogenetica e una linea guida ontogenetica, effettuando uno studio comparativo delle sequenze geniche per quattro specie considerate (*Homo sapiens*, *Pan troglodytes*, *Macaca mulatta* e *Mus musculus*) per le quali l'intero genoma è stato decodificato), si può individuare una nuova frontiera sulla origine del processo di "sapiementizzazione" nell'Uomo.

L'identificazione di eventuali similitudini e differenze quantitative a livello degli amminoacidi per ogni gene HOX delle specie esaminate conduce a una analisi finale comparata di tutti i profili di espressione genica considerati (Fig. 6).

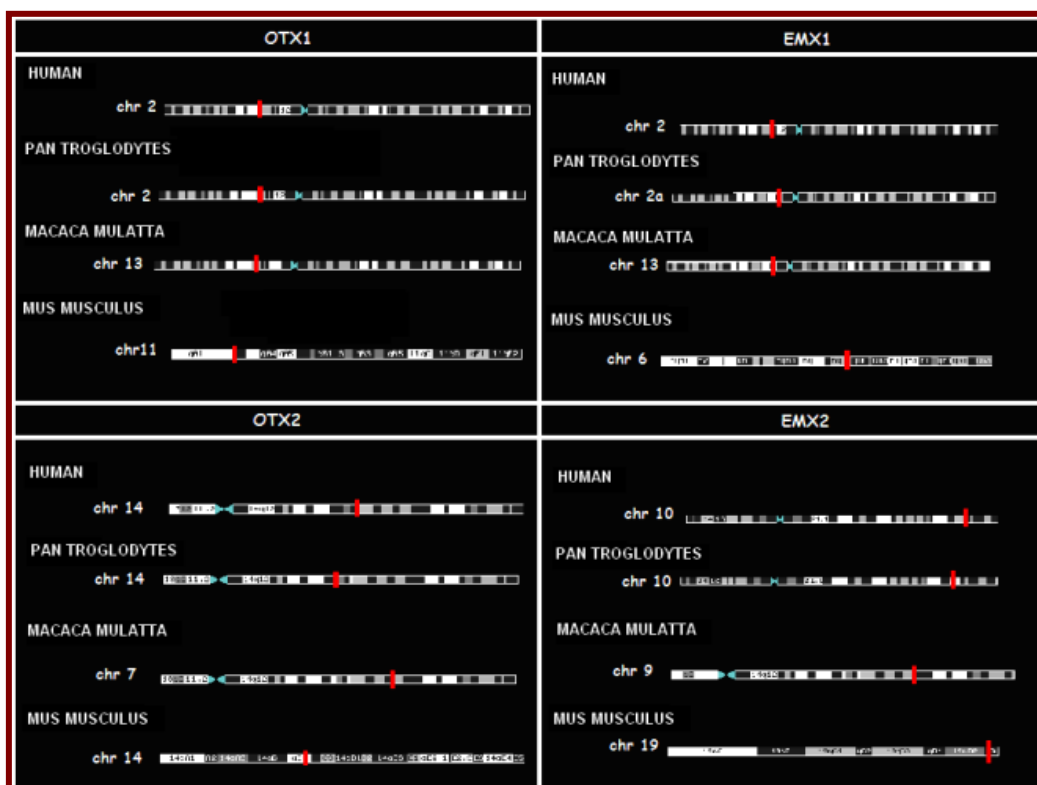


Fig. 6. Ideogrammi dei cromosomi che contengono le sequenze dei geni OTX1, OTX2, EMX1 ed EMX2, per le quattro specie esaminate. (Fiore, 2007. Atti del XVII Congresso degli Antropologi Italiani. Cagliari, 27-29 Settembre 2007)

Il processo di incremento dell'encefalo umano, non è solo meramente quantitativo. La *neocortex* è organizzata in unità ripetute di strutture colonnari di neuroni associativi e questa struttura sarà l'oggetto delle nostre ricerche. Essa è costituita da entità anatomiche e funzionali su cui si basa la variabilità funzionale della massa cerebrale umana.

E' con lo studio comparativo di queste sequenze geniche che si può arrivare a comprendere la diversità morfologica e quantitativa dell'encefalo di queste 4 specie e di comprendere il salto



quantitativo che ha condotto all'elevato *psichismo* e quindi alla "*sapientizzazione*" umana (Chiarelli B., Fiore M.G., 2008).

Conclusioni

Il tentativo di spiegare quelle che sono le tappe Bio-genetiche dell'evoluzione della vita attraverso il funzionamento dei geni omeotici, implica alcune considerazioni e una ambizione. Innanzitutto è opportuno ricordare che il presente articolo non esaurisce tutte le questioni riguardanti lo sviluppo morfologico delle specie: esso presenta in modo sufficientemente dettagliato, sia dal punto di vista teorico e concettuale, che da quello empirico e sperimentale, delle ipotesi evolutive osservate prevalentemente dagli accadimenti microfisici. Se, dunque, le lacune che abbiamo lasciato (per esigenze di spazio, o per mancanza di ipotesi correttamente supportate) stimoleranno il lettore incuriosito, rimandiamo alla bibliografia alla fine, in grado di esaurire tutto ciò che può esser stato lasciato in sospeso; al contrario, se tra l'espreso e l'omesso, verranno mosse critiche costruttive, saremo ben felici di avviare un dibattito che non può che giovare alla scienza.

Il poter suscitare una, o entrambe, queste reazioni, sarebbe per noi già motivo di successo per questo lavoro.

Ciò che possiamo estrapolare da questo articolo è una concezione più matura e maggiormente vicina al mondo accademico e scientifico, dei concetti esplicativi che regolano l'evoluzione dei piani corporei delle specie, ben fondati dai dati che il progresso della ricerca ci ha messo a disposizione.

L'esistenza dei geni Hox, e l'analisi del loro funzionamento, prova in maniera inconfutabile l'intuizione darwiniana della discendenza di tutte le specie da un antenato comune e come attraverso un processo contingente la vita si sia diversificata nella varietà di forme che oggi popolano la Terra.

In ultima considerazione sarebbe auspicabile ambire ad una maggior visibilità, nel quotidiano, delle scoperte e delle prospettive scientifiche in modo che il senso comune possa considerare criticamente le spiegazioni alternative sulle origini dell'Uomo, le nostre origini. Anche se questo vuol dire ammettere che non abbiamo un posto privilegiato nel mondo della vita e che non siamo così speciali, o così perfettamente "progettati" come ci piace credere.

RINGRAZIAMENTI

Gli autori ringraziano il Prof. Brunetto Chiarelli (Univ. di Firenze) per i preziosi consigli e il materiale fornito.

Lo scopo di questo articolo è stato quello di dare una facile e rapida lettura di un tema importante per le Scienze Antropologiche, quale l'affascinante avventura dell'evoluzione naturale e culturale del cervello umano.

RICCARDO FURI, MARIA GIULIA FIORE



Bibliografia

1. Acampora D., Gulisano M., Broccoli V., Simeone A. (2001) Otx genes in brain morphogenesis. *Progress in Neurobiology* 64, pp. 69-95.
2. Boncinelli E., (2006). L'origine della forma vivente. L'evoluzione e l'origine dell'Uomo. Einaudi.
3. E. Boncinelli, C. Tonelli, *Dal moscerino all'uomo: una stretta parentela*, Sperling & Kupfer, (2007).
4. Bürglin, T.R., and Cassata, G. (2002). Loss and gain of domains during evolution of cut superclass homeobox genes. *Int. J. Dev. Biol.*, 46, 115-123.
5. Chiarelli B., (2003) *Dalla Natura alla Cultura. Principi di Antropologia Biologica e Culturale. Vol. I Evoluzione dei Primati e origine dell'Uomo*. Piccin
6. Chiarelli B., (2003) *Dalla Natura alla Cultura. Principi di Antropologia Biologica e Culturale. Vol. II Origine della Socialità e della Cultura Umana*. Piccin.
7. Chiarelli B., (2003) *Dalla Natura alla Cultura. Principi di Antropologia Biologica e Culturale. Vol. III Uomo, Ambiente e Società oggi*. Piccin.
8. Chiarelli B., Fiore M.G., (2006) *Il Controllo genico della forma del corpo umano*. Scienze Sperimentali. Treccani Scuola. *Rivista On Line*.
9. Chiarelli B., Fiore M.G., (2007) *Le basi biologiche della sapientizzazione. Ruolo dei geni OTX e EMX nello sviluppo del cervello nei Primati non umani e nell'Uomo*. 80° Meeting SIBS Trento.
10. N. Eldredge e S.J.Gould, *Gli equilibri punteggiati: un'alternativa al gradualismo filetico*, in ¹ N. Eldredge, *Strutture del tempo*, Hopefulmonster, Firenze (1991).
11. Festari I., (2006) Gli uccelli di oggi, dinosauri con le piume. Archeornitologia. <http://www.ebnitalia.it/QB/QB007/archo.htm>.
12. Fiore M.G., Chiarelli B., (2007) *Homeobox genes and their role in the morphogenesis and the evolution of the Primate Brain*. 2nd Congress of the European Federation for Primatology. Charles University in Prague. Faculty of Education. Prague. Book of Abstracts edited of Marina Vančatová and Václav Vančata.
13. Fiore M.G., Tramonti F.R. (2007) *I geni Homeobox e le Neuroscienze. Ruolo degli HOX nella morfogenesi ed evoluzione del cervello*. XVII Congresso degli Antropologi Italiani. Atti del Congresso. Cagliari.
14. Fiore M.G., (2008) *The biological bases of intelligence. HOX genes and their role in evolution of Primate Brain and of HumanKind*. "Marie Curie-GARD, Conference 2nd Interplay among genetics, epigenetics and non-coding RNA's. Genome architecture in relation to disease" (Spain, May 4th-7th, 2008). *Cellular Oncology (in press)*.
15. Fiore M.G., (2008) *Sviluppo embrionale delle strutture che regolano il controllo delle funzioni del linguaggio. Anomali del fMRI della lingua associate con la mutazione del gene FOXP2*. 1° Convegno sulla "Ontogenesi, Filogenesi e Differenziazione dei Sistemi Comunicativi". Sistema Naturae Firenze (*in press*).
16. Fiore M.G., (2008) *Le basi biologiche della sapientizzazione. Geni HOX coinvolti nella morfogenesi ed evoluzione del cervello*. Capitolo del libro: "All'origine della struttura della Mente". G. Musio. Prato (*in press*).



17. Galliot, B., de Vargas, C., and Miller, D. (1999). Evolution of homeobox genes: Q50 Paired-like genes founded the Paired class. *Dev Genes Evol* 209, 186-197.
18. Gaudet J, Mango SE. (2002) Regulation of organogenesis by the *Caenorhabditis elegans* FoxA protein PHA-4. *Science*;295:821-825. 2001;15:2470-2482.
19. Gavin MA, Torgerson TR, Houston E, DeRoos P, Ho WY, Stray-Pedersen A, Ocheltree EL, Greenberg PD, Ochs HD, Rudensky AY (2006). Single-cell analysis of normal and FOXP3-mutant human T cells: FOXP3 expression without regulatory T cell development. [PNAS vol. 103 no 17 6659-6664.](#)
20. Gehring, W.J., Affolter, M., Bürglin, T.R. (1994) Homeodomain proteins. *Annu. Rev. Biochem.*, 63, 487-526.
21. Golino M, Artale A, Bonura A, Amoroso , Melis M, Geraci D, Gianguzza F., and Colombo P. (2006) A hybrid expressing engineered major allergens of the *Parietaria* pollen as a tool for specific Allergy Vaccination. Palermo. *International Congress. Cellular and Development Biology in memory of Alberto Monroy.*
22. Honkanen RA, Nishimura DY, Swiderski RE, Bennett SR, Hong S, Kwon YH, Stone EM, Sheffield VC, Alward WL. (2003) A family with Axenfeld-Rieger syndrome and Peters Anomaly caused by a point mutation (Phe112Ser) in the FOXC1 gene. *Am J Ophthalmol*; 135:368-375.
23. A., La Vergata, *L'evoluzione biologica: da Linneo a Darwin*, Loescher editore (1979).
24. Lehmann OJ, Sowden JC, Carlsson P, Jordan T, Bhattacharya SS. (2003) Fox's in development and disease. *Trends Genet*; 19:339-344.
25. Lieberman P., (2007). The evolution of Human Speech. The FOXP2 gene. *Current Anthropology* Vol.48 Num.1. The University of Chicago press.
26. Luke, G. N., Castro, L. F., McLay, K., Bird, C., Coulson, A., and Holland, P. W. (2003). Dispersal of NK homeobox gene clusters in amphioxus and humans. *Proc Natl Acad Sci U S A* 100, 5292-5295.
27. MacDermot KD, Bonora E, Sykes N, Coupe AM, Lai CS, Vernes SC, Vargha-Khadem F, McKenzie F, Smith RL, Monaco AP, Fisher SE. (2005) Identification of FOXP2 truncation as a novel cause of developmental speech and language deficits. *Am J Hum Genet*;76:1074-1080.
28. E. Mayr, *Un lungo ragionamento. Genesi e sviluppo del pensiero darwiniano*, Bollati Boringhieri, Torino (1994).
29. Mortemousque B, Amati-Bonneau P, Couture F, Graffan R, Dubois S, Colin J, Bonneau D, Morissette J, Lacombe D, Raymond V. (2004) Axenfeld-Rieger anomaly: a novel mutation in the forkhead box C1 (FOXC1) gene in a 4-generation family. *Arch Ophthalmol*;122:1527-1533.
30. Susan Oyama, *The Ontogeny of Information. Developmental Systems and Evolution*, Second edition revise and expanded, Duke University Press, Durham (NC) 2000.
31. Rath M., et al (2006) Expression of the Otx2 homeobox gene in the developing mammalian brain: embryonic and adult expression in the pineal gland. *Journal of Neurochemistry* 97 (2), 556–566



32. Riou J.L., Delarue M., Penzo Méndez A., Boucaut J.C., (1998) Role of fibroblast growth factor during early midbrain development in *Xenopus*. *Science Direct*.
33. Saleem RA, Banerjee-Basu S, Berry FB, Baxevanis AD, Walter MA., (2001) Analyses of the effects that disease-causing missense mutations have on the structure and function of the winged-helix protein FOXC1. *Am J Hum Genet*;68:627-641.
34. Saleem RA, Banerjee-Basu S, Berry FB, Baxevanis AD, Walter MA.(2003) Structural and functional analyses of disease-causing missense mutations in the forkhead domain of FOXC1. *Hum Mol Genet*;12:2993-3000.
35. Simeone A. Puelles E., Acampora D. (2002)The Otx family. *Current Opinion in Genetics & Development*, vol. 12, issue 4, 1 pp. 409-415.
36. T. Pievani, Introduzione alla filosofia della biologia, Editori Laterza, (2005).

La spiegazione scientifica nella biologia dello sviluppo

Daniele Romano

daniele-romano@email.it

Abstract

What does it mean to give an explanation of the organisms' development? Is it possible to have a strong causal view of this process when we refuse genetic determinism? In which context shall we find laws and generalizations in order to propose an explanation model? Is it possible to define a unification level in developmental biology? Analyzing different explanatory models in biology, the aim of this paper is to answer these questions by studying the role of causal explanation in development without the strong deterministic interpretation of genetic information.

Keywords: biological explanation, development, genetic, determinism

1. Introduzione

Nel tentativo di delineare i criteri che un modello di spiegazione nella biologia dello sviluppo deve rispettare, emergono due importanti quesiti. In primo luogo dobbiamo chiederci cosa significhi fornire una spiegazione del processo di sviluppo di un organismo; secondariamente, diventa fondamentale selezionare un background teorico nel quale individuare le leggi o le generalizzazioni utilizzate come riferimento per valutare i modelli di spiegazione.

Storicamente, il processo di sviluppo viene descritto come un processo diretto ad un fine programmato, guidato internamente da alcuni meccanismi teleonomici, regolato gerarchicamente e ben definito nelle sequenze temporali e spaziali dei cambiamenti morfogenetici. È necessario sottolineare che i presupposti e gli sviluppi della genetica si sono gradualmente integrati nelle ricerche della biologia dello sviluppo e che non mutano, nella sostanza, la definizione canonica dello sviluppo. L'analisi compiuta dalla Developmental Systems Theory¹ (DST) permette invece di riformulare un nuovo punto di vista con cui interpretare tale processo, prendendo in considerazione una gamma più vasta di fattori determinanti, spaziando dal ruolo dei geni al contributo dell'ambiente.

¹ La proposta della DST si contrappone alla visione dominante, secondo cui lo sviluppo di un organismo è concepito come un processo causato in maniera deterministica ed esclusiva dalle informazioni contenute nei geni. La sua analisi prende in considerazione il ruolo di varie strutture e di sistemi complessi nelle funzioni cellulari prima, e nell'intero processo di sviluppo successivamente. Esistono delle proprietà intrinseche ai sistemi in sviluppo che condizionano e guidano l'organismo attraverso fasi di organizzazione successive, ma in questa analisi preme individuare le modalità in cui i fattori di sviluppo, siano essi genetici, cellulari o ambientali, determinino il particolare sviluppo di un organismo e l'insieme delle caratteristiche fenotipiche che esso presenterà. Al riguardo si veda Bednar (1997); Godfrey-Smiths (2001); Oyama (2003); Sarkar (2000); Sterelny (1999); Pievani (2005).



Nel suo prendere le distanze dall'assetto teorico dell'informazione genetica, la DST abbandona parallelamente l'interpretazione teleonomica del processo di sviluppo. In questa occasione non verrà dato un contributo al dibattito fra i sostenitori dell'informazione genetica e quelli della DST, ma, assumendo i risultati raggiunti da quest'ultima, verrà discussa la possibilità di individuare un adeguato modello di spiegazione.

2. Analisi dei modelli di spiegazione scientifica

La tesi portata avanti dai sostenitori della DST ha fra le proprie assunzioni di fondo l'idea secondo cui differenti condizioni ambientali e diversi genotipi permettono lo sviluppo di fenotipi differenti fra gli individui di una stessa specie, ma l'interazione fra i vari fattori di sviluppo non è necessariamente additiva nel produrre tale fenotipo. In quest'ottica dobbiamo rinunciare alla possibilità di individuare corrispondenze rigorose fra singoli fattori di sviluppo e singoli effetti fenotipici. L'impossibilità di individuare corrispondenze precise fra tali elementi rende tuttavia problematica una spiegazione del processo di sviluppo basata sul modello nomologico-deduttivo (N-D). Il modello N-D trova la sua naturale applicazione per generalizzazioni che siano in grado di individuare un rapporto deterministico fra le entità considerate, tuttavia l'analisi della DST ci induce a rifiutare una concezione così rigida del processo di sviluppo, in quanto le modalità in cui i vari fattori possono influire sullo sviluppo sono molteplici, a loro volta influenzati da altri fattori e spesso interdipendenti. Si può tentare di impiegare il modello N-D riducendo le nostre pretese riguardo alla ricerca e via di seguito di una spiegazione onnicomprensiva di tutte le cause, focalizzando l'attenzione su singoli fattori causali e sui relativi effetti, ma questa interpretazione è soggetta all'introduzione di condizioni di normalità degli altri fattori che abbassano notevolmente il valore delle spiegazioni individuate. La stessa difficoltà s'incontra nell'analisi dei processi cellulari. Se prendiamo in considerazione le peculiarità di un organismo semplice come la *Drosophila melanogaster*, è possibile constatare come diversi fenomeni di espressione genica siano dipendenti dal contesto cellulare². L'espressione di *hunchback*, ad esempio, è condizionata dal rapporto fra proteine di *bicoid* e di *nanos*, ma se in questo caso è possibile individuare un valore di soglia di tale rapporto che consenta l'espressione di *hunchback*, lo stesso non può dirsi del fenomeno di *splicing*, condizionato dal contesto cellulare ma in maniera meno rigorosa del caso precedente. Anche in questo contesto di analisi dunque, il modello N-D è costretto ad ammettere clausole *ceteris paribus*.

Come secondo passo, possiamo tentare di analizzare la correlazione fra fattori di sviluppo e la forma finale dell'organismo in termini probabilistici, utilizzando come metodo di spiegazione il modello Statistico-Induttivo (S-I). Ciò permetterebbe di ovviare all'impossibilità di individuare corrispondenze rigorose, facendo riferimento ad un valore probabilistico che metta in relazione i vari fattori genetici ed extragenetici allo sviluppo dell'organismo, tuttavia il modello S-I prevede l'utilizzo di generalizzazioni con alta probabilità di verificarsi, mentre difficilmente riusciremo a ricondurre tutte le interazioni che vogliamo analizzare a generalizzazioni di questo

² Gli studi presenti relativi a *Drosophila* fanno riferimento principalmente a sezioni online delineate e ad altre analisi presenti in bibliografia, oltre a Boncinelli (2001) e Gilbert (1985).



tipo. La nutrizione è senz'altro un elemento indispensabile per il corretto sviluppo di un organismo e questi due elementi saranno chiaramente connessi secondo le modalità richieste dal modello S-I, ma non possiamo affermare la stessa cosa per altre condizioni ambientali, come la temperatura o il contesto sociale. Questi fattori producono un'influenza piuttosto piccola sul processo di sviluppo, senz'altro legata ad un basso valore percentuale, ma tuttavia sono influenti sullo sviluppo di determinate caratteristiche; in questi casi il modello S-I non è in grado di produrre valide spiegazioni.

Per poter rendere conto di tutti questi aspetti, una spiegazione del processo di sviluppo deve essere in grado di individuare le cause che abbiano guidato lo sviluppo di un organismo verso l'acquisizione di determinate caratteristiche morfologiche. Un organismo in via di sviluppo interagisce con una vasta gamma di sistemi, a cui la DST associa fattori causali. In risposta agli stimoli a cui questi lo sottopongono, l'organismo reagisce attraverso determinate strategie, che condurranno, in ultima analisi, allo sviluppo della sua forma finale. Nell'individuazione di questi fattori causali diviene fondamentale individuare le modalità della loro interazione con l'organismo e la rilevanza di queste per l'acquisizione di determinate caratteristiche e delle eventuali strategie di sviluppo. La spiegazione cercata sarà, per conseguenza, tanto più robusta ed efficace in base a quanto riuscirà ad individuare un rapporto causale fra i fattori di sviluppo considerati e la forma finale dell'organismo. Tale ricerca è legata alla proposta teorica della DST riguardo all'importanza dei sistemi di interazione nei quali l'organismo è coinvolto e deve essere in grado di sfruttare i risultati raggiunti dalla genetica e dalla biologia molecolare per spiegare il ruolo ricoperto dal materiale genetico e dai processi cellulari nel processo di sviluppo.

Nel momento in cui descriviamo il processo di sviluppo come causato da una vasta gamma di fattori che comprende, oltre il Dna, le ulteriori strutture cellulari e l'intero contesto cellulare, l'interazione fra cellule, le strutture extra-cellulari e l'interazione con l'ambiente, fino a che punto siamo in grado di determinare con esattezza la misura in cui questi elementi contribuiranno al processo di sviluppo? Volendo riformulare la domanda in altri termini, possiamo chiederci se esista un metodo per quantificare l'interazione di questi fattori con l'organismo, e per misurare quindi gli effetti di tale interazione. Nonostante questi siano elementi chiave nella spiegazione del processo di sviluppo, non esiste un modo effettivo per quantificare il loro contributo. Il processo di sviluppo si protrae per un arco di tempo piuttosto lungo, dalle 22 ore della *Drosophila* ad anni nella specie umana. Nella maggior parte dei casi, abbiamo a che fare con archi di tempo troppo lunghi per compiere previsioni sugli effetti di questi elementi. Ciò non esclude che si possano comunque determinare degli estremi di influenza. È necessario tener presente che anche il Dna può essere soggetto a variazioni impreviste nella sua espressione. Il processo di Chromatin Marking System³, ad esempio, può condizionare l'espressione genica ed essere trasmesso alle cellule figlie, ma non esistono criteri per individuare tutte le condizioni che possono produrlo.

L'estensione della spiegazione dello sviluppo degli organismi agli elementi qui individuati ci impedisce di individuare una spiegazione deterministica del processo di sviluppo, in quanto

³ Sui CMS si veda Jablonka, Lamb (1995); Jablonka (1998); Keller (1998).



non deterministico è lo stesso comportamento dei fattori coinvolti. Inoltre, l'estrema flessibilità dei fattori coinvolti nello sviluppo non permette di descrivere con precisione la loro influenza sul processo di sviluppo. Tuttavia, ciò non ci impedisce né di evidenziare un rapporto causale fra le parti in gioco, né di fornire un modello di spiegazione valido. Accettare questa indeterminazione delle attività che guidano lo sviluppo degli organismi non vuol dire rinunciare alla possibilità di dare spiegazioni, ma ci sollecita a svincolare il tentativo di fornire un modello di spiegazione scientifica da un contesto prettamente deterministico che il paradigma genetico ha sempre tentato di imporre.

Forte dell'impossibilità di spiegare in maniera deterministica alcuni processi della fisica quantistica, Salmon accetta le condizioni dell'indeterminismo e propone un modello di spiegazione basato sulla 'rilevanza causale'. Sebbene nella biologia dello sviluppo ci confrontiamo con fenomeni più complessi di quelli presi in considerazione da Salmon, il concetto di rilevanza causale può aiutarci ad individuare alcuni criteri che un metodo di spiegazione completo dovrà soddisfare. In quest'ottica⁴, dare una spiegazione significa assemblare un insieme totale di condizioni che evidenziano il motivo per cui un particolare evento si sia verificato.

Nel nostro caso, possiamo iniziare con l'assemblare un insieme di fattori causalmente rilevanti nello svolgersi del processo di sviluppo, isolandoli in una prima analisi e successivamente tentando di individuare le possibili interrelazioni fra questi fattori; a questo punto è necessario evidenziare un insieme di condizioni, per ognuno di questi fattori, che possano aumentare o diminuire⁵ il loro intervento e la loro efficacia, e determinare le successioni temporali in cui questi fattori agiscono. Un contributo determinante, nell'analisi di particolari processi di sviluppo, sarà inoltre fornito dal confronto con altri campioni rappresentativi soggetti a condizioni similari, dove si possono identificare dipendenze più o meno uguali da uno o più fattori (lo stesso ambiente, gli stessi geni), in modo da migliorare la comprensione del ruolo di altri fattori fra loro eterogenei in sistemi differenti.

3. La problematica delle generalizzazioni

Il confronto della biologia dello sviluppo e della proposta teorica della DST con il modello N-D apre un'altra problematica relativa alle generalizzazioni che vengono utilizzate nella ricerca di modelli esplicativi. L'esistenza di leggi di natura o di generalizzazioni sufficientemente robuste da manifestare lo stesso potenziale esplicativo è da alcuni anni messa in discussione nell'intera ricerca biologica, e non solo nella biologia dello sviluppo. In questo paragrafo il problema delle leggi di natura verrà esteso alla biologia nel suo complesso per comprendere la portata del problema; successivamente verranno discussi i principali criteri che una teoria scientifica deve rispettare per produrre spiegazioni rigorose, con particolare riferimento alla ricerca della biologia dello sviluppo.

⁴ "Una partizione è rilevante rispetto ad un certo attributo G se la probabilità di G assume un valore diverso per ognuna delle celle della partizione", Salmon (1989).

⁵ A differenza della rilevanza statistica proposta da Salmon, in cui i vari fattori intervengono o non intervengono, secondo un certo grado di probabilità, in questa analisi è necessario considerare quasi tutti i fattori come attivi.



La biologia è una scienza che articola, ed ha articolato, la propria analisi attraverso varie discipline, le quali manifestano spesso obiettivi, metodi di indagine, e livelli di generalizzazione eterogenei. Basti pensare alle differenze che intercorrono fra le analisi della genetica classica e dell'embriologia descrittiva, della meccanica dello sviluppo e della genetica di popolazioni, nonché della genetica molecolare e della biologia dello sviluppo. Assieme a queste discipline, possiamo ancora annoverare la biologia evolutiva, l'ecologia, ed anche nuovi ambiti di ricerca, come la proposta dell'Evo-Devo, o la ricerca sull'eterocronia. All'interno di un panorama così variegato, è difficile individuare criteri unici ai quali i vari tipi di generalizzazione possono essere riferiti; tuttavia l'intera ricerca della biologia, vista nel suo insieme, è spesso accusata di basare il proprio assetto teorico su generalizzazioni di carattere eminentemente descrittivo, non riuscendo, per conseguenza, ad esprimere alcun tipo di relazione causale, caratteristica che la allontanerebbe dalla possibilità di una pratica scientifica rigorosa.

Una generalizzazione che non sia in grado di esprimere una dipendenza causale di una delle variabili da uno o più fattori conserva un basso potenziale esplicativo, in quanto l'eventuale assenza di relazioni causali, e parallelamente l'impossibilità di individuare leggi di natura, condiziona, ed in alcuni casi muta radicalmente, il senso di scientificità di una teoria. In quest'ottica diviene chiaro come al centro della discussione sulle leggi di natura, che per anni ha coinvolto diversi esponenti della filosofia della scienza, si ponga il tentativo ancora più radicale di intervenire nella discussione su ciò che si intenda per 'legge di natura'. Il dibattito si è esteso velocemente alla discussione sulla natura e sul ruolo di una legge, sui modelli di spiegazione, sulle condizioni di scientificità di un'asserzione e di una teoria. Le riflessioni principali a riguardo vengono dal confronto con i filosofi della scienza più tradizionalisti, coloro che continuano ad individuare nella fisica la scienza per 'eccellenza', dalla quale tutte le discipline che aspirano a raggiungere il titolo di 'Scienza' dovrebbero derivare le caratteristiche dell'investigazione e dei modelli esplicativi. L'indagine più recente sulla scientificità di una teoria coinvolge l'analisi di diverse componenti logiche ed epistemiche dell'assetto teorico di una disciplina, come l'utilizzo di condizioni o di generalizzazioni *ceteris paribus*, la possibilità ed i criteri di unificazione di una teoria, e la possibilità di individuare relazioni causali nei processi studiati.

In primo luogo, analizzando la discussione portata avanti dai filosofi della biologia relativamente alla domanda circa la possibilità di leggi di natura in biologia, si può osservare come, nell'ultima decade, l'indagine sull'esistenza di queste leggi si sia ramificata, incentrando la discussione talora sull'esistenza di leggi di natura, talvolta sulla loro necessità in un contesto esplicativo, e talvolta su una loro possibile sostituzione attraverso nuovi criteri di generalizzazione nella biologia e nelle altre scienze speciali⁶. Il carattere della discussione e delle soluzioni proposte varia in base alle discipline coinvolte ed alla volontà di proporre un metodo unico o parziale rispetto alle varie branche della biologia. È evidente che discipline come l'ecologia, la genetica delle popolazioni o la biologia dell'evoluzione, operando su livelli di spiegazione macroscopici, presentano difficoltà diverse rispetto alla genetica o alla biologia molecolare. Queste due discipline hanno conosciuto, nell'ultimo ventennio, un aumento esponenziale del loro contenuto empirico, delle tecniche di controllo delle teorie proposte, e di

⁶ Fra le scienze speciali sono generalmente incluse la sociologia e l'economia. Per quanto riguarda la biologia, solo alcuni autori la considerano una scienza speciale.



precisione, motivo per cui se in altri ambiti della biologia, alcuni autori non esitano a negare difficoltà concettuali nel contesto della spiegazione e nel livello di scientificità, sarei decisamente scettico nell'estendere le stesse conclusioni anche alla genetica ed alla biologia dello sviluppo.

Prima di spiegare per quali motivi si può sostenere che queste discipline consentono sia l'individuazione di buone generalizzazioni, sia la costruzione di validi modelli per la spiegazione e l'interpretazione di nuovi dati, una rapida rassegna di alcune posizioni piuttosto recenti sarà in grado di mostrarci come il dibattito relativo alla domanda iniziale sia orientato a negare l'esistenza di leggi universali nella biologia.

Sembra sia «largamente accettato che non esistano leggi di natura che riguardano particolari specie biologiche»⁷. A riguardo, John Beatty definisce la pratica della biologia come esplorazione di «regolarità contingenti»⁸, in quanto nessuna generalizzazione, nella biologia, può essere libera da una variabile temporale. Sulla stessa corrente di pensiero, ma in maniera meno radicale, Brandon sostiene che «i biologi sono interessati a regolarità contingenti, non per ragioni puramente sociologiche, ma come conseguenza della natura del processo evolutivo»⁹, il quale per sua stessa natura rende temporale ogni possibile identificazione di caratteristiche proprie di una specie; la definizione di una specie è dunque destinata a variare con il tempo. Diversi sono, ultimamente, anche i tentativi di salvare il potere esplicativo delle generalizzazioni della biologia, ma per il momento non hanno risultati accreditati. Cooper, dopo una rassegna di varie posizioni su questa possibilità, conclude il suo articolo affermando che «sembra esistano poche, se ce ne sono, generalizzazioni biologiche che soddisfano il concetto di legge che ha dominato nella filosofia della scienza.» Ed auspica una nuova concettualizzazione di alcuni criteri. «Dobbiamo ripensare sia le leggi di natura che la spiegazione teorica nella biologia»¹⁰.

Queste posizioni derivano, ad ogni modo, «dalla natura dei fenomeni biologici»¹¹; l'impossibilità di parlare di leggi di natura riguardo ai fenomeni presi in considerazione dalla biologia è legata all'impossibilità logica di formulare generalizzazioni, riguardo alle specie, che siano valide senza restrizioni temporali, una volta che viene accettata la validità del processo evolutivo come spiegazione dei mutamenti delle specie nel corso del tempo. Nessuno di questi autori si rende conto, tuttavia, di estendere in maniera ingiustificata una riflessione riguardante un numero ristretto di discipline della biologia a tutte quelle che compongono questa scienza. La corrispondenza fra triplette ed amminoacidi, per esempio, è costante fra tutte le specie e coerente nel tempo. Woodward, più attento nei confronti dell'analisi cellulare rispetto agli autori precedentemente citati, tenta una sostituzione del concetto di legge.

Le generazioni esplicative nella biologia devono soddisfare una richiesta che io chiamo invarianza, ma non è necessario che soddisfino gli altri criteri standard delle leggi di natura. Una volta che ciò è stato

⁷ Lange, 1995.

⁸ Beatty, 1995.

⁹ Brandon, 1997.

¹⁰ Cooper, 1996.

¹¹ Lange, 1995.



accettato, abbiamo una piccola motivazione per rapportarci a queste generalizzazioni come a leggi di natura.¹²

Se prendiamo in analisi gli sviluppi teorici, i risultati e le recenti problematiche della genetica, della biologia molecolare e della biologia dello sviluppo, troviamo condizioni diverse da quelle prese in considerazione dai filosofi della biologia precedentemente citati. Innanzitutto, possiamo contare sul contributo essenziale di una scienza ben definita, come la chimica, indispensabile per la determinazione delle proprietà di molte strutture dei sistemi biologici. In secondo luogo, possiamo contare su una conoscenza piuttosto particolareggiata delle entità coinvolte nei processi, delle loro proprietà, di gran parte dei loro comportamenti. Al livello cellulare, in modo particolare, abbiamo a che fare con entità affini fra le varie specie e ciò garantisce una discreta stabilità alle relazioni individuate.

La questione che fino a questo punto è stata presa in considerazione, circa il modo in cui considerare le generalizzazioni proposte dalla biologia, verrà scomposta, di modo da analizzare singolarmente i vari criteri che una teoria deve soddisfare per sviluppare al massimo il suo potenziale esplicativo:

1. criteri di unificazione della teoria;
2. assenza o, se presenti, controllo di clausole *ceteris paribus*;
3. individuazione di relazioni causali;
4. possibilità per la teoria di essere integrata in un modello esplicativo soddisfacente.

In questa analisi diviene opportuno non solo controllare in che maniera le teorie vigenti soddisfano tali criteri, ma in particolare, grazie al contributo di nuove proposte, valutare quali siano le potenzialità di queste discipline, facendo esplicito riferimento ai dati sperimentali, e cercando di individuare quali criteri dovrà avere un modello di spiegazione.

4. Unificazione

Le spiegazioni migliorano la nostra comprensione in quanto unificano le nostre conoscenze: la nostra comprensione del mondo migliora quando riduciamo il numero delle assunzioni indipendenti da accettare¹³.

La frase di Salmon evidenzia un criterio fondamentale per estendere la nostra comprensione del mondo riducendo il numero dei fatti che «brutalmente ci troviamo davanti»¹⁴. Caratteristica stessa della ricerca scientifica e del processo di generalizzazione è proprio la capacità di ricavare descrizioni di molti fenomeni utilizzando in maniera appropriata gli stessi modelli di derivazione. In generale, lo schema che ci viene presentato da una particolare generalizzazione, permette di individuare una relazione fra due variabili, che sarà applicabile a tutte le entità che manifestano determinate proprietà.

¹² Woodward, 2001.

¹³ Salmon, 1989.

¹⁴ Kitcher, 1989.



Il livello di complessità e di organizzazione di una teoria è condizionato dalla forma e dalla precisione che le generalizzazioni da cui è costituita presentano. Quando il livello di complessità è basso, una generalizzazione presenta un'applicazione limitata, sia perché rappresentativa di un numero limitato di relazioni, sia perché spesso insufficiente a spiegare in maniera autonoma un evento. Al contrario, ciò che noi richiediamo ad una teoria per essere efficace è di «aumentare al massimo le conclusioni tratte»¹⁵ con il minimo di riferimenti a leggi di copertura. La componente essenziale della spiegazione scientifica non è, dunque, il tipo particolare di conoscenze esplicative coinvolte, quanto il modo in cui viene organizzata la conoscenza. Nella teoria dell'informazione è possibile individuare uno dei migliori esempi di unificazione teorica, in quanto in un messaggio breve è contenuta una grande quantità di informazioni.

L'idea di un'unificazione fra teorie legate ad ambiti di analisi differenti ha come obiettivo l'individuazione di criteri che permettano di ridurre generalizzazioni fra loro eterogenee a nuove forme di complessità, oppure di introdurre dei collegamenti che permettano di esprimere un salto concettuale fra i due livelli in cui strutture e processi vengono presi in considerazione. Un gene, per esempio, può essere concepito come un stringa finita di Dna, come coordinatore del processo di sviluppo, come causa di un particolare effetto fenotipico, o come il protagonista del processo di evoluzione, a seconda della teoria che prendiamo in considerazione. In ognuna di queste definizioni, il gene manifesta proprietà e funzioni differenti. In questo caso, un tentativo di unificazione nella biologia potrebbe seguire tre strade (manteniamo l'esempio del gene): 1_ individuare una descrizione del gene che conservi tutte le proprietà delle definizioni precedenti; 2_ individuare una descrizione del gene che evidenzii le proprietà e le funzioni essenziali del gene, e spiegare le altre proprietà come derivazioni delle prime; 3_ individuare livelli di analisi differenti, in ognuno dei quali il termine 'gene' abbia una sua particolare descrizione, ed allo stesso tempo specificare la relazione esistente fra i vari livelli, di modo da potere comunque contestualizzare la descrizione del gene che stiamo adoperando.

La prima ipotesi è senz'altro inconcepibile, in primo luogo per l'impossibilità di produrre una generalizzazione coerente di questo tipo, ed in secondo luogo in quanto non avrebbe nessun potenziale esplicativo senza l'aggiunta di una serie di condizioni che ne specifichino l'utilizzo in uno schema di spiegazione.

Al contrario, il processo di riduzione delle teorie è senz'altro il modello di unificazione maggiormente discusso. Secondo questo punto di vista, le teorie sarebbero unificate quando una teoria che opera su di un macro-livello (o semplicemente più specializzata) viene ridotta ad una teoria che opera su di un micro-livello (o più generale). Accettare questo punto di vista permetterebbe dunque di spiegare un fenomeno complesso sulla base dei processi di livello inferiore che ne sono alla base. Questa proposta manifesta due limiti principali. Ad un livello di descrizione troppo basso, con l'aumentare della complessità del fenomeno da spiegare, aumenta esponenzialmente il numero delle descrizioni che occorre tenere presente, per cui la comprensione di un fenomeno troppo complesso diventa impraticabile. Esistono inoltre proprietà che si manifestano solo ad un livello superiore di analisi, che prevede l'interazione

¹⁵ Kitcher, 1989.



delle strutture e dei processi coinvolti, ma queste ‘funzioni’ non sono prevedibili partendo dalla descrizione dei processi di livello inferiore.

Il processo di specializzazione cellulare, per esempio, è riconducibile all’interazione fra le cellule, che sfrutterà particolari proprietà della membrana per ‘prendere atto’ del contesto in cui la cellula è situata, ma una semplice descrizione delle proprietà della membrana non è in grado di cogliere in maniera rilevante ciò che produce tale processo. Allo stesso modo, la forma di una proteina può essere spiegata riferendoci alla forma e alle cariche dei singoli amminoacidi, ma la proteina assume, nel contesto cellulare una funzione non prevedibile nei termini delle proprietà degli amminoacidi. Su contesti più ampi, la spiegazione diventa ancora più problematica. Spiegare la presenza di un tratto fenotipico non atteso, oppure la presenza di quattro ali su un individuo altrimenti dittero, non è concepibile in termini di un errore di copiatura dei nucleotidi durante il processo di duplicazione del Dna. Un ruolo particolarmente complesso come quello del gene *ultrabithorax* in *Drosophila melanogaster* durante il processo di sviluppo non può essere semplicemente ridotto ai processi basilari che lo compongono.

Anche se in una descrizione di livello più alto abbiamo a che fare con una certa imprecisione, la descrizione di un fenomeno complesso è più efficace, in termini di spiegazione, se lo concepiamo come somma di ‘funzioni’ interagenti tra le varie entità, piuttosto che come somma dei fenomeni indipendenti che ne fanno parte. D’altro canto, una possibile unificazione fra due teorie non può essere intesa come un processo meccanico che individui semplicemente una serie di generalizzazioni efficaci in entrambe le teorie. Ogni teoria manifesta obiettivi, tecniche, conoscenze differenti che influenzano i modelli esplicativi. Un processo di riduzione non è in grado di tenere conto di questi aspetti, per cui non necessariamente la descrizione che una teoria riduzionista può offrire, fornirà una spiegazione soddisfacente.

Riguardo la terza strategia di unificazione, trovo esemplare l’introduzione che Grantham antepone alla sua caratterizzazione dell’unificazione in termini di ‘interconnessione’ fra ambiti.

Due teorie o ambiti possono essere unificati in diverse maniere. Gli ambiti sono unificati teoricamente se comprendiamo come le ontologie, i concetti e le generalizzazioni di questi ambiti siano connessi. Gli ambiti sono unificati praticamente attraverso connessioni euristiche e dallo sviluppo di un metodo per integrare i corpi qualitativamente distinti¹⁶.

In particolare, Grantham parla di ‘inter-ambiti’, veri e propri ponti teorici che permetterebbero un collegamento stabile fra due teorie eterogenee. «Due ambiti», spiega, «diventano maggiormente unificati (integrati) quando cresce il numero o l’importanza degli inter-ambiti connessi»¹⁷. Questa particolare scelta ha il vantaggio di poter sfruttare simultaneamente teorie riduzioniste e non-riduzioniste, in quanto non esistono particolari vincoli nella determinazione degli inter-ambiti. Il quadro diventa tuttavia molto complesso ed il processo di unificazione appare più come occasionale che definitivo, inoltre Grantham opera una forte associazione fra teoria e livello di spiegazione, che concepisce quasi biunivocamente interdipendenti, mentre in realtà questa associazione è spesso più labile.

¹⁶ Grantham, 2004.

¹⁷ Grantham, 2004.



La descrizione che Grantham dà dell'unificazione come 'interconnessione' riveste comunque un discreto interesse, proponendo una cornice di analisi piuttosto versatile, ma allo stesso tempo focalizzando l'attenzione sui criteri da rispettare in un simile tentativo. Ad esempio, la genetica classica e la genetica molecolare si completano a vicenda sia in termini di analisi che nella gamma di applicazioni possibili. Nonostante ciò, non è concepibile una piena riduzione delle due teorie. La genetica molecolare ridefinisce il concetto classico di mutazione, fornendo un resoconto dettagliato del processo fisico e una precisa catalogazione dei diversi tipi di mutazione. In questo caso, come in tanti altri esempi, la genetica molecolare estende in maniera notevole le capacità esplicative della genetica classica, ma non riesce a comprenderne tutto l'ambito di investigazione. I due concetti di gene manifestano, utilizzando la terminologia di Grantham, due ontologie differenti.

In pratica, un modello di spiegazione che manifesti un alto potenziale di analisi attraverso livelli differenti, e talvolta ambiti differenti, deve riuscire ad evidenziare le proprietà rilevanti di una entità all'interno di un particolare contesto e, allo stesso tempo, permettere di tenere in considerazione i processi in cui è coinvolta all'interno di una gerarchia di analisi che ne permetta di valutare questa entità come effetto risultante di processi inferiori o come causa di un processo superiore, relativamente a ciò che la spiegazione richiede. In base a queste considerazioni possiamo ora tornare a valutare il ruolo che la teoria dell'informazione ricopre nello studio della biologia.

Sebbene lasci libero ogni ambito di analizzare strutture e processi caratteristici del proprio livello di analisi, la teoria dell'informazione genetica, sfruttando il ruolo prioritario che attribuisce ai geni in tutti i processi, dal livello molecolare allo sviluppo all'evoluzione, si pone al di sopra degli ambiti di ricerca fornendo un criterio basilare che ha il compito di unificare l'intera ricerca della biologia. Questo criterio, può essere riassunto in questi termini: nel gene (o nei geni) ci sono tutte le informazioni necessarie per X, dove X può essere 1_ la codifica di una proteina; 2_ lo sviluppo di un tratto fenotipico; 3_ la trascrizione di un determinato gruppo di geni; 4_ la continuazione della vita attraverso le generazioni; 5_ la specializzazione della cellula... e gli esempi possono continuare ad oltranza. Possiamo comprendere da questa caratterizzazione come ogni possibilità di completare la definizione di gene sia condizionata dall'intero ambito in cui viene applicata. Un confronto della teoria dell'informazione genetica con i principi di unificazione delle teorie potrà offrire un ulteriore contributo per la critica portata avanti nei suoi confronti.

Non essendo la teoria dell'informazione genetica una teoria riduzionista, non ci resta che vedere in che modo essa risponda ai principi individuati da Salmon e alle definizioni che Grantham propone per una unificazione come connessione di ambiti. Questa teoria:

1. riduce il numero di assunzioni indipendenti che dobbiamo accettare?
2. è in grado di connettere ontologie, concetti e generalizzazioni di ambiti diversi?
3. propone connessioni euristiche per integrare corpi teorici qualitativamente diversi?

La risposta sembra essere negativa a tutte le domande. Non riduce il numero delle assunzioni da accettare in quanto questa teoria ha necessariamente bisogno delle generalizzazioni delle



discipline in questione per produrre una spiegazione accettabile ed una definizione di *gene* efficace. L'espressione di un gene, il ruolo di un gene, l'eredità di un gene, sono tutte espressioni che senza un ausilio meccanicistico producono una descrizione che, come dice Dawkins nella prefazione a *The selfish gene*, «dovrebbe essere letta quasi fosse un romanzo di fantascienza»¹⁸. La risposta alle altre due domande è negativa in quanto questa teoria non connette concetti o generalizzazioni, né integra corpi teorici distinti. Essa offre soltanto una definizione generale di alcuni concetti che tuttavia spoglia delle peculiarità che ricoprono nei particolari livelli di analisi.

5. *Ceteris paribus*

Nel tentativo di delineare le caratteristiche essenziali che un modello di spiegazione con un valido potenziale di analisi dei processi studiati deve avere nella biologia, è necessario controllare che le generalizzazioni proposte siano sufficientemente robuste da non ammettere condizioni *ceteris paribus*, o nel caso da non essere troppo condizionate da queste. Nel momento in cui rinunciamo ad una unificazione riduzionista dei processi studiati, il rischio di dovere ammettere eccessive clausole che prevedono 'condizioni normali di analisi' diventa alto. Effettivamente è possibile trovare diversi esempi di clausole *ceteris paribus* negli attuali modelli di spiegazione, in particolar modo quando affrontiamo il processo di sviluppo attraverso la teoria dell'informazione genetica. La presenza di queste clausole all'interno di una generalizzazione accettata è, di norma, una delle principali differenze, sia sul piano formale che su quello pratico¹⁹, che queste generalizzazioni manifestano con le leggi di natura. Le *ceteris paribus* indeboliscono il ruolo di una generalizzazione, in quanto indeboliscono sia la possibilità di controllarla, sia la possibilità di estendere le sue applicazioni. Questa riconosciuta difficoltà ha spinto diversi filosofi della scienza ad un confronto ancora più articolato fra le leggi della fisica e le generalizzazioni della biologia e delle scienze speciali.

Una legge di natura è una generalizzazione vera in grado di sostenere i propri controfattuali. Questa caratteristica permette alle leggi di natura di fornire una spiegazione causale e deterministica in tutte le condizioni in cui un processo viene studiato. Per contro, una legge soggetta a *ceteris paribus* è da intendersi come una generalizzazione vera, che tuttavia presenta delle condizioni particolari per cui la spiegazione, ed in particolare la previsione, può essere errata. La caratteristica distintiva delle leggi *ceteris paribus* è che «non intrattengono alcuna regolarità precisa o statistica con il corso degli eventi»²⁰. Una generalizzazione di questo tipo propone una relazione vera nella maggioranza delle sue applicazioni, ma parallelamente impedisce di ottenere una regolarità o una corrispondenza statistica entro cui giudicare la sua validità. Questa stessa condizione, impedisce una appropriata verifica di queste generalizzazioni. Anche se alcuni autori cercano metodi di conferma per le leggi *ceteris paribus*, è opinione diffusa che esse non possano essere né confermate, né falsificate. Nella biologia troviamo almeno due grandi categorie di clausole *ceteris paribus*. Una prima categoria

¹⁸ Dawkins, 1976.

¹⁹ Nella recente ricostruzione di Nickel (2005) viene posta su come una legge *ceteris paribus* possa essere confermata o falsificata.

²⁰ Earman, 2002.



riguarda le proprietà non prevedibili nel particolare livello di spiegazione in cui si affronta l'analisi del fenomeno. La seconda categoria comprende invece tutti i casi in cui l'azione di un'agente esterno al sistema studiato condiziona l'esito del processo.

Nel paragrafo precedente, abbiamo rifiutato il criterio di unificazione inteso come riduzione di una teoria ad un'altra che opera su di un livello inferiore di composizione del sistema. La scelta è stata motivata dalla presenza di proprietà, nei contesti biologici, che non sono prevedibili al di sotto di un determinato livello. Tuttavia, operando una scelta di questo tipo, perdiamo la possibilità di mantenere una descrizione di tutti i sotto-processi che contribuiscono allo sviluppo delle proprietà in analisi. I modelli di spiegazione proposti risultano, a ragione, dotati di un certo grado di indeterminatezza e di imprecisione. Le clausole *ceteris paribus* introdotte in questi casi scaturiscono proprio da questa situazione. Pur conoscendo quali 'interferenze' la nostra spiegazione può incontrare, nessuna generalizzazione proposta è in grado di predire la dipendenza del processo da queste. Qui di seguito sono proposti alcuni esempi relativi a queste condizioni.

- 1 Il processo di differenziamento cellulare, ad esempio, è regolato a grandi linee da due fattori. Il primo di questi è la composizione differenziata del citoplasma nella cellula uovo, il quale si ripartirà in maniera eterogenea fra le varie cellule nel corso della divisione cellulare. In un secondo momento invece, ad influire sarà il contesto intercellulare in cui la cellula si troverà inserita. In questo processo, i fattori citati producono effetti determinati e normalmente non è necessario risalire alla descrizione di ulteriori processi cellulari per spiegare il differenziamento di una cellula, tuttavia possono esistere alcuni processi cellulari che accelerino la fase di differenziamento, o un particolare caso di inibizione nella trascrizione di alcuni geni dovuta, per esempio, ad un processo di Chromatin Marking System.
- 2 La conoscenza di tutti i meccanismi che permettono la sintesi di una proteina a partire dall'espressione di un particolare gene, permette di mantenere più o meno costante la corrispondenza fra gene e proteina. Tuttavia, il processo di splicing può ricongiungere secondo un ordine differente gli esoni e permettere la sintesi di una proteina diversa.
- 3 Durante la meiosi, i cromosomi omologhi vengono separati e migrano l'uno verso un polo cellulare, l'altro verso quello opposto, permettendo alle due cellule figlie di avere lo stesso numero di cromosomi, a meno che qualcosa abbia impedito la disgiunzione dei due cromosomi; in tal caso due cromosomi omologhi migrano verso lo stesso polo cellulare, creando due cellule con un diverso numero di cromosomi, spesso dannoso ai fini della riproduzione.

Gli esempi appena proposti mostrano come le generalizzazioni effettuate ad un particolare livello di analisi presentano, per loro stessa natura, delle condizioni *ceteris paribus*. Inoltre, nell'analisi del processo di sviluppo compiuta in termini di informazione genetica, emerge un'ulteriore serie di clausole. L'ambiente, in quest'ottica, è un mezzo che permette l'espressione dei geni, ma lo sviluppo è determinato da questi ultimi. Casi di ambienti ostili, differenti temperature, scarso nutrimento, erano intesi come alterazioni dell'ambiente



normale di sviluppo. L'ambiente, sebbene variabile per sua natura, viene dunque assunto come costante. Non c'è modo all'interno del linguaggio dell'informazione genetica di trovare una strada per trattare l'ambiente ed il contesto di sviluppo come una variabile effettiva, piuttosto che come una semplice clausola *ceteris paribus*. Tutti gli studi di genetica sui mutanti presuppongono ovviamente un ambiente normale, ma queste condizioni sono estese senza condizione di necessità a più campi di indagine.

Per l'analisi dei geni mutanti è necessario conservare delle restrizioni sull'influenza dell'ambiente nello sviluppo. Una ricerca genetica lavora spesso su di uno stock di individui, come un'intera figliata, per mantenere sempre presente il gene mutante e confrontare le differenze fenotipiche fra gli individui. Questa tecnica permette di ovviare ad alcune condizioni di 'normalità' che altrimenti potrebbero influire sull'intera indagine. Una nuova mutazione, un crossing-over, o una anomalia nel processo di sviluppo potrebbero vanificare l'intera ricerca. Lavorare su di uno stock di individui permette invece di conservare più o meno costanti alcune condizioni, conservando così la validità della generalizzazione cercata e rendendo numericamente trascurabili le anomalie dovute all'intervento di ulteriori fattori. Dal punto di vista teorico, neanche in questo caso le spiegazioni proposte si dimostrano ottimali, basti pensare alle piccole percentuali trascurate da Morgan che hanno condotto Bridges all'analisi dei geni sex-linked della *Drosophila*. Ad ogni modo, fuori da casi particolari come quello di Bridges, la metodologia di analisi della genetica risulta essere per molti versi necessaria e comunque efficace.

Ma quando l'oggetto di studio è il processo di sviluppo, abbiamo visto come queste restrizioni diventano altamente limitative. Conoscere in che maniera i geni determinino lo sviluppo di un organismo è comunque diverso dal conoscere in che maniera il processo di sviluppo sia determinato, dal momento che sono diversi i fattori in gioco. Per questo motivo l'estensione di clausole *ceteris paribus* dalla genetica alla biologia dello sviluppo limita notevolmente il potenziale esplicativo di qualunque teoria si possa proporre.

Anche nel contesto delle eredità epigenetiche le condizioni di analisi non sono molto differenti. L'organismo eredita dalla madre una cellula uovo, in cui sono già presenti elementi costitutivi necessari per il successivo sviluppo. Abbiamo una membrana che delimita l'ambiente cellulare da quello esterno, vari filamenti di Rna, proteine e complessi proteici, essenziali per le nuove fasi di trascrizione e traduzione che la cellula dovrà operare, materiale di riserva per garantire alla cellula un alto metabolismo, microtubuli, mitocondri. Tutti questi elementi garantiscono la continuità di vita da una generazione alla successiva, ognuno di questi elementi porta con sé, se pur in minima parte, 'l'esperienza' del genitore. Con il termine 'esperienza' mi riferisco sia all'interazione con l'ambiente, ma anche ad esempi di geni materni mutanti²¹ che, qualora ricoprano un ruolo meno importante del *bicoid* in *Drosophila*, possono influenzare in maniera non catastrofica lo sviluppo dell'organismo. Tuttavia, quando un ricercatore descrive le fasi di sviluppo di un organismo, quando individua quali geni causino certi piani di sviluppo, si riferisce al materiale citoplasmatico come ad una componente normale di tali processi, mettendo al centro di un'azione deterministica i geni ed il loro comportamento.

²¹ Parlando di geni materni (mutanti) il riferimento è esclusivamente rivolto a quei geni che intervengono nelle prime fasi di sviluppo di un organismo.



Diversi filosofi della scienza non considerano le generalizzazioni del primo gruppo di esempi come limitanti nel processo di spiegazione, ma piuttosto come una caratteristica essenziale di una scienza che conserva il massimo potenziale esplicativo solo se procede per livelli di analisi. Il secondo tipo di esempi costituisce invece un limite notevole nelle generalizzazioni della biologia. Entrambi i casi proposti, l'interferenza dell'ambiente ed il contesto cellulare, sono diventati elementi problematici nella normale spiegazione in quanto non sono naturalmente interpretati all'interno di una terminologia che evidenzia le proprietà e le funzioni dei geni. Una teoria che possa risolvere questo insieme di clausole *ceteris paribus*, e sappia, per conseguenza, accogliere gli sviluppi concettuali della DST, permetterebbe di integrare cause, di cui già conosciamo bene gli effetti, in un sistema maggiormente organizzato e con più alto valore esplicativo e predittivo.

Un'ulteriore conseguenza di questo slittamento potrebbe essere la scelta di un nuovo modo di interpretare la distinzione fra 'Scienza fondamentale' e 'Scienze Speciali', prendendo in considerazione - una volta isolate le generalizzazioni *ceteris paribus*, inevitabili in quanto conseguenza del livello di generalizzazione adottato - il livello di organizzazione che una teoria propone.

6. Causalità

Una 'relazione causale' è in grado di individuare una relazione fra due entità, di esprimere un rapporto di priorità temporale fra le entità, di individuare le proprietà che permettono alle entità di interagire o di attivare un processo, e di permettere una previsione di quali proprietà manifesteranno le entità alla fine del processo in analisi. L'individuazione di un rapporto causale permette inoltre un migliore controllo della teoria e, in particolar modo, il controllo delle condizioni controfattuali. Nella pratica scientifica la nozione di causalità è fondamentale perché una generalizzazione possa, oltre a descrivere uno stato di cose, spiegare e descrivere un processo, in quanto è in grado sia di identificare quali strutture e quali proprietà dei corpi e del sistema ne causino l'attivazione, sia di mostrare in che maniera questo processo è condizionato da altre proprietà, e di predire la conformazione finale e le nuove proprietà sviluppate dal sistema.

È necessario specificare che il rafforzamento conosciuto dal concetto di causalità negli ultimi anni ha sostituito le più tradizionali figure di 'causa' e 'effetto'. Queste ultime, troppo legate ad un aspetto relazionale, non permettono di cogliere l'azione stessa dei processi analizzati in maniera sempre più dettagliata dalla fisica, dalla chimica e dalla biologia. Salmon, ad esempio, parla di processi causali, di interazione causale, di quantità conservata. Siamo di fronte ad una terminologia che si addentra nella natura stessa dei processi. Tuttavia l'analisi di Salmon, sebbene cerchi di porsi come metodo universale, trova la sua applicazione naturale nella fisica, e principalmente nella fisica quantistica. Quando la riflessione si rivolge alla biologia, il suo metodo necessita di un'adeguata risemantizzazione. Ad ogni modo, prima di scendere nell'analisi di come Glennan riproponga alcune tematiche della teoria di Salmon adeguandole ai processi della biologia, è necessario vedere in che maniera viene rivalutata l'idea di causalità



nelle generalizzazioni di questa disciplina nel tentativo di fronteggiare la difficoltà precedentemente descritta di parlare di leggi di natura in biologia.

Un grande passo nell'individuazione di criteri stabili che permettano di individuare generalizzazioni che possano manifestare la stessa robustezza e lo stesso potenziale esplicativo di una legge di natura è stato compiuto, negli ultimi anni, da Woodward. A partire dalla fine degli anni ottanta, Woodward individua un metodo che, pur con tutte le sue difficoltà, ha influenzato positivamente diversi autori.

Per Woodward, una generalizzazione manifesta un potenziale esplicativo se soddisfa il suo criterio di invarianza. In questo caso, egli afferma, «esiste un piccolo motivo per trattare queste generalizzazioni come delle leggi di natura»²². Woodward aspira ad individuare dei criteri di stabilità per le generalizzazioni della biologia che permettano di attribuire a queste lo stesso ruolo empirico che le leggi di natura ricoprono in altre scienze. Tali generalizzazioni devono rappresentare una conoscenza causale che possa essere utilizzata per predire fenomeni, poterli spiegare e per guidare un 'intervento' sulle entità che rientrano nella generalizzazione. Una generalizzazione è invariante, ossia può ricoprire lo stesso ruolo di una legge di natura in un modello esplicativo, «se e solo se continua a mantenere la propria validità sotto una certa gamma di cambiamenti fisici che implicano un intervento»²³. La nozione di intervento, fuori da un'ottica necessariamente antropomorfa, vuole individuare la possibilità di 'produrre' una variazione in una delle entità coinvolte nella generalizzazione, o anche semplicemente di poter rendere conto di tale variazione, da qualunque forza sia stata indotta, purché al di fuori delle variabili presenti nella generalizzazione, e di conseguenza fuori dal dominio di invarianza. Il criterio che Woodward richiede, a questo punto, perché la generalizzazione che comprende tale entità possa manifestare un potenziale esplicativo, è che tale cambiamento produca un consequenziale mutamento nelle entità che la generalizzazione individuava come interconnesse con quella su cui si è verificato l'intervento.

Se una generalizzazione individua, dunque, un rapporto relazionale invariante fra due entità, una variazione della prima deve produrre una variazione nelle proprietà della seconda. Una generalizzazione deve dunque mantenere la sua validità indipendentemente dal variare delle proprietà delle entità coinvolte. In questo modo Woodward introduce un supporto rigoroso per le generalizzazioni della biologia che facciano fronte alla presenza di controfattuali. Se teniamo presente la distinzione fra leggi di natura e leggi *ceteris paribus*, vediamo come l'insidia principale si trova proprio nell'incapacità delle seconde di supportare controfattuali. È su questa base che l'autore si spinge a sostenere sia la legittimità delle generalizzazioni della biologia, che l'inesistenza, in un adeguato modello di spiegazione, di leggi *ceteris paribus*²⁴.

Possiamo distinguere in questo modello due livelli di causalità, e parallelamente, due livelli di invarianza. È possibile che una variazione in una variabile X non sia sufficiente a produrre una variazione nella seconda variabile Y, oppure che la variazione avvenuta riguardi altri tipi di relazione di cui la variabile X può essere causa, ma non quella con Y (in questo caso diciamo che la variazione α nelle proprietà di X può produrre una variazione nelle proprietà di Y, ma una variazione β in X produrrà un cambiamento in Z ma non in Y), oppure che altre variazioni

²² Woodward, 2001.

²³ Woodward, 2001.

²⁴ Woodward, 2002b.



nel sistema non abbiano permesso l'interazione attesa fra le due variabili. In questo caso Woodward parla di una 'causalità indeterminista', sufficiente ad evidenziare un rapporto di causa fra due entità, anche se non esiste una corrispondenza precisa fra tutte le variazioni nelle due entità. Nel caso contrario, quando una variazione in X produce una variazione in Y in maniera costante e proporzionale, abbiamo una 'causalità determinista' e la corrispondenza fra le due entità è rappresentabile attraverso un'equazione. In questo caso Woodward parla anche di invarianza modulare.

Un corollario della proposta di Woodward, restando fuori tuttavia dall'analisi dell'invarianza modulare, è la possibilità di individuare e di costruire generalizzazioni che riguardino catene di dipendenze causali senza dover ammettere un principio di transitività in senso stretto, che spesso rende le spiegazioni della biologia funzionali e teleonomiche, piuttosto contrastanti con un'analisi causale. Un intervento su X produce un cambiamento nell'entità correlata Y, la quale, a sua volta, produrrà un cambiamento nella variabile Z, correlata ad Y ma non direttamente ad X. In questo caso possiamo ammettere che l'intervento in X produce indirettamente la variazione di Z, ma ciò è sostanzialmente diverso dall'ammettere che la variazione di X produce la variazione di Z. Questa peculiarità permette di evitare banalizzazioni dei processi analizzati e soprattutto di identificare i singoli stati che compongono i processi.

Il modello di Woodward offre diversi spunti interessanti per rivalutare il concetto di causalità nei contesti biologici, soprattutto in quelli analizzati nei capitoli precedenti, ma incontra alcuni limiti qualora volessimo estenderlo a tutti i processi di cui si interessano la biologia molecolare e la biologia dello sviluppo. Sono diversi gli esempi che possono ascrivere al modello proposto da Woodward, ma nel contesto cellulare, e soprattutto nel processo di sviluppo, bisognerebbe dare più peso alle interazioni fra le entità coinvolte per ottenere un buon modello esplicativo, in quanto spesso ci troviamo di fronte a modifiche reciproche, ma non meno causali di quelle considerate da Woodward.

Due o più variabili misurate possono essere funzioni deterministiche l'una dell'altra. In questo caso, la manipolazione di una variabile definita osservata può essere una descrizione ambigua di una manipolazione²⁵.

Due cellule che vengono a contatto durante il processo di gastrulazione inducono modifiche l'una nell'altra, senza questo contatto le due cellule non si specializzerebbero come cellule dell'ectoderma e del mesoderma. Ma l'induzione della variazione è reciproca e simultanea, non è quindi neanche possibile offrire una variazione di questo modello facendo riferimento ad un ordine temporale.

Inoltre il principio di invarianza diventa labile quando siamo costretti ad ampliare il sistema di analisi. Ad esempio, possiamo spiegare la sintesi di una proteina in relazione alla precisa sequenza di basi del filamento di Rna da cui è tradotta; in questo esempio vale il principio di invarianza, in quanto al variare della sequenza di basi dell'Rna, varia la sequenza degli amminoacidi e di conseguenza la proteina sintetizzata. Tuttavia, può essere necessario spiegare la sintesi di una proteina in relazione a particolari condizioni del contesto cellulare. A riguardo possiamo prendere in considerazione il caso di *Drosophila* dove i geni materni

²⁵ Spirtes, 2004.



regolano la trascrizione di *hunchback*, necessario per la definizione dell'asse antero-posteriore, che a sua volta è in grado di attivare ulteriormente la propria trascrizione. Queste sono generalizzazioni riconosciute come valide nel contesto esplicativo, ma qui non vale il principio di invarianza, in quanto è richiesto esplicitamente che l'intervento su cui valutare tale principio sia esterno al sistema di analisi, mentre in questo caso abbiamo a che fare con un *feedback* continuo. Come questi esempi, sono molti i casi in cui è lo stesso contesto cellulare a sollecitare la trascrizione di alcuni geni, e per conseguenza una sua successiva modifica.

Analizziamo ora un'altra proprietà di questo modello. Se l'analisi della DST nega, nel processo di sviluppo di un organismo, la possibilità di predire il suo stadio finale facendo riferimento esclusivamente al suo DNA, o al più all'insieme delle condizioni iniziali, la strategia esplicativa più efficace sarebbe quella di valutare il processo di sviluppo, fase dopo fase, in cui ogni stadio raggiunto determina come si svilupperà lo stadio successivo. Se non aggiungessimo ulteriori condizioni a questa definizione, il modello di Woodward potrebbe anche adeguarsi, con alcuni accorgimenti, all'analisi di questo processo. Tuttavia, ad ogni stadio diventa sempre più essenziale il contatto con l'ambiente e con altre condizioni esterne al sistema. Inoltre sarebbe aperta la questione di come valutare il Dna in questo modello di spiegazione, se come variabile della generalizzazione, o come agente esterno che produce l'intervento. Il metodo proposto da Woodward risulta efficace in questi rami della biologia ma è difficilmente estendibile; ciò che è rilevante nella sua proposta è che sia riuscito a focalizzare su alcuni temi necessari per rivalutare la spiegazione in biologia. Nonostante che la disciplina stessa sia notevolmente mutata in questi ultimi anni, alle teorie della biologia si è spesso guardato come essenzialmente descrittive di regolarità, ma non in grado di avere il potere esplicativo di quelle leggi che potevano mostrare una relazione causale. Questo passo è dunque essenziale per impostare un discorso più robusto nei processi di spiegazione in biologia.

7. L'analisi dei processi causali in biologia

Nel paragrafo precedente è stata presa in considerazione la possibilità di individuare delle relazioni causali nel contesto biologico. La nozione di causalità impiegata era tuttavia strettamente connessa con l'analisi delle generalizzazioni di questa disciplina. In questo paragrafo verrà analizzata la possibilità di rafforzare ulteriormente, come alcuni filosofi della scienza stanno cercando di fare per la fisica, questa nozione di causalità.

Un lavoro molto dettagliato a riguardo, anche se si è dimostrato valido quasi esclusivamente nell'indagine della fisica, è senza dubbio la proposta che da metà degli anni ottanta fino a fine secolo è stata elaborata da Salmon. Egli ha cercato di individuare una definizione di causalità che fosse insita negli stessi processi fisici e che fornisse un criterio inequivocabile per determinare quali tipi di interazioni potessero definirsi causali.²⁶ Un processo è definito causale quando ha la capacità di indurre una modifica in un altro processo, durante una interazione fra i due. Un'interazione è detta causale quando i processi che interagiscono (in

²⁶ Riguardo l'analisi di Salmon sulla nozione di causalità è necessario chiarire l'utilizzo di alcuni termini per evitare confusioni con la terminologia adottata in questo capitolo. Un "processo" è per Salmon l'entità minima che la fisica può contemplare, come un raggio di luce, una radiazione... ciò che in questo capitolo è stato finora chiamato "processo" è da Salmon definito con il termine di "interazione".



una precisa coordinata spazio-temporale) producono delle modificazioni permanenti l'uno sull'altro. Un raggio di luce che passa attraverso una lente rossa è un'interazione causale, in quanto dopo l'interazione, il raggio di luce diventa rosso e la lente aumenta la propria temperatura. Sebbene l'analisi di Salmon risulti soddisfacente nella fisica, l'eccessiva attenzione che ha riservato ai fenomeni quantistici rende incontrollabile la sua teoria su livelli di spiegazione differenti.

Nonostante ciò, la sua proposta ha influenzato notevolmente l'opera di Glennan, che rivolge la propria ricerca a livelli di spiegazione più complessi, la quale trova una valida applicazione nella biologia e nella biologia molecolare in modo particolare. Prendiamo come punto di partenza la definizione del 1996 riguardo il concetto di meccanismo. «Un meccanismo che è alla base di un comportamento è un sistema complesso che produce quel comportamento dall'interazione di un numero di componenti, in accordo a leggi causali dirette.»²⁷ Per Glennan un meccanismo è, in sostanza, un'interazione delle componenti (*parts*) di un sistema, nel quale l'interazione è da intendersi come occorrenza attraverso la quale le proprietà delle strutture, o la modifica di queste proprietà, determinano un cambiamento nelle proprietà di un altro componente. La definizione di interazione è comunque vaga e risente a chiare linee della definizione di Salmon riguardo le condizioni che permettono di definire un processo come causale. Ma Glennan tenta di presentare una visione più vasta di quanto aveva fatto Salmon nei suoi ultimi lavori, rinunciando alla possibilità di ridurre tutti i processi alle loro componenti minime per cercare un modello che riesca a proporre una visione causale su diversi livelli. Glennan parla di strutture che interagiscono e di proprietà che vengono modificate, riproposte, queste due componenti, su di una stilizzazione della nozione di interazione causale che Salmon, in quegli anni, stava portando a termine²⁸. D'altro canto, il linguaggio adoperato da Glennan apre la strada alla possibilità di parlare di processi causali nel contesto cellulare e nello sviluppo degli organismi, ambiti dove la proposta di Salmon diventava insoddisfacente.

Tuttavia, Glennan non definisce il concetto di interazione, lasciando che questo termine venisse appena connotato dall'espressione ad esso legata di *direct causal laws*. Lo stesso problema lo ritroviamo nell'analisi del termine 'causale', utilizzato principalmente «per distinguere una causa attuale da una semplice correlazione»²⁹. Rilevante è invece l'utilizzo del termine 'direct', che evidenzia come l'interazione fra parti del sistema e i cambiamenti di proprietà delle strutture coinvolte debbano intendersi come consequenziali. Vale a dire che se una prima interazione produce cambiamenti nelle proprietà di una componente del meccanismo, questa produrrà cambiamenti nelle proprietà di una terza componente, di modo che la variazione delle proprietà della prima componente ha indotto cambiamenti nella terza, senza una interazione diretta. In linea di massima, sono le stesse conclusioni raggiunte da Woodward.

Nel 2002, la definizione di meccanismo proposta da Glennan diviene più articolata.

²⁷ Glennan, 1996.

²⁸ Negli anni novanta, fra Salmon e Dowe si articola un intenso dibattito che rende la proposta di Salmon sempre più completa, fino ad arrivare all'articolo del 1997 ed a "Causality and Explanation" (1998).

²⁹ Tabery, 2004.



Un meccanismo per un comportamento è un sistema complesso che produce quel comportamento dall'interazione di un numero di componenti, dove l'interazione fra componenti può essere caratterizzata da generalizzazioni dirette, invarianti e change-relating.³⁰

Questa nuova definizione riflette gli ultimi studi di Woodward riguardo la possibilità di individuare validi criteri esplicativi nella biologia senza ricorrere al concetto di 'legge', troppo controverso³¹. L'idea di Woodward, analizzata nel paragrafo precedente, è di accentrare la portata esplicativa di una generalizzazione sul concetto di invarianza, il quale prevede che, date due variabili causalmente interconnesse, una manipolazione che produce un cambiamento nella prima variabile, produrrà un cambiamento nella seconda variabile. In maniera speculare, Glennan definisce il suo concetto di interazione, come «un'occorrenza nella quale un cambiamento di proprietà in una componente, determina un cambiamento nelle proprietà di un'altra componente»³².

Ci sono diversi fenomeni la cui spiegazione è facilmente ascrivibile alla proposta di Glennan, ma presenta alcuni limiti evidenti, principalmente legati all'aver tentato di isolare il concetto di interazione come unico mezzo di spiegazione causale. La proposta di Glennan funziona bene per quei processi che si attuano lungo 'catene causali' e che prevedono due (o comunque poche) entità per ogni interazione. L'aver attribuito un ruolo cardine alle proprietà per l'attivazione dei processi permette inoltre di analizzare fenomeni più complessi, come quei processi che prevedono condizioni di attivazione legati all'intero contesto cellulare. Alcuni geni, per esempio, vengono trascritti solo quando la presenza di determinate proteine nel citoplasma sia inferiore o superiore ad una certa soglia. Glennan non articola la discussione sul concetto di invarianza, introdotto nella definizione più recente, per cui diventa difficile comprendere se la sua proposta risenta delle stesse limitazioni di quella di Woodward, nella quale avevamo individuato alcune difficoltà nel riuscire a comprendere esempi che coinvolgessero il contesto cellulare. D'altro canto, quando Woodward parla di modifiche delle strutture, e talvolta delle proprietà, queste sono caratterizzate in maniera meno dettagliata del lavoro di Glennan.

Un limite che la teoria di Glennan presenta è invece riscontrabile nel momento in cui cerchiamo di articolare una spiegazione su più livelli di analisi. Glennan articola un discorso sul modo in cui un meccanismo possa essere interpretato come una struttura base in un organismo di ordine superiore. «I meccanismi sono collezioni di parti e le parti sono oggetti, ma gli oggetti che sono parti di meccanismi sono essi stessi delle strutture complesse»³³. Tuttavia questa definizione risulta insoddisfacente. L'esclusività che Glennan ha attribuito al ruolo delle proprietà nel processo di interazione non permette di cogliere le proprietà che si sviluppano in un ordine superiore di analisi che coinvolge quel meccanismo. L'interazione fra cellule, per esempio, che andranno a formare uno stesso tessuto è in grado di spiegare il processo di specializzazione delle cellule, ma non riesce ad individuare le proprietà del tessuto.

³⁰ Glennan, 2002.

³¹ Woodward, 2000; 2001.

³² Glennan, 2002.

³³ Glennan, 2002.



È evidente che l'emergenza di proprietà di ordine superiore richiede qualcosa di più della semplice analisi (o somma) delle proprietà³⁴.

8. Conclusioni

Nel corso di questa trattazione sono stati analizzati i principali criteri di scientificità che un modello di spiegazione che voglia prendere in considerazione i processi biologici deve essere in grado di rispettare. Parallelamente, sono state individuate sia alcune soluzioni alle singole problematiche messe in evidenza dai filosofi della scienza più tradizionali, sia le potenzialità della biologia di rispettare questi criteri senza ridurre il proprio livello di scientificità. Sono stati passati in rassegna ipotesi, teorie e modelli esplicativi di volta in volta più articolati, in grado di raccogliere i contributi precedenti e di svilupparli ulteriormente.

L'analisi qui svolta ha mostrato che la spiegazione scientifica nella biologia dello sviluppo, in particolare nell'accezione proposta dalla DST, risulta potenziata da modelli esplicativi che rinunciano a stabilire regolarità descrittive in favore di una solida comprensione causale dei processi. Questa ricerca non può essere compiuta senza un'attenta analisi dei contesti di pertinenza delle relazioni individuate e della rilevanza dei fattori presi in considerazione nei sistemi studiati. Modelli esplicativi così strutturati, come risulta visibile già dalle proposte di Woodward e di Glennan, permettono di prendere in considerazione peculiarità della ricerca biologica che altri modelli, per la propria struttura formale, sono costretti ad ignorare.

Daniele Romano

Bibliografia

1. Ariew André, (1998), *"Are Probabilities Necessary For Evolutionary Explanations?"*, in *"Biology and Philosophy, 13"*, pp. 245-253.
2. Beatty John, (1995), *"The Evolutionary Contingency Thesis"*, in *"Concepts, Theories, and Rationality in the Biological Sciences"*, Pittsburgh Press, pp. 45-81.
3. Bechtel William, Abrahamsen Adele (2005), *"Explanation: a mechanist alternative"*, in *"Studies in History and Philosophy of Science Part C, 36 issue 2"*, pp. 421-441.
4. Bednar James, (1997), *"Environmental versus genetic factors in development"*, online in *"Tilt After effects in a Self-Organizing Model of the Primary Visual Cortex"* (<http://nn.cs.utexas.edu/web-pubs/bednar.thesis>).

³⁴ Esistono modelli di meccanismi più articolati, come quello proposto da Machamer, Darden e Craver nel 2000³⁴ e poi sviluppato negli anni successivi, che nel distinguere nei meccanismi fra entità ed attività riescono a presentare un modello esplicativo in grado di rendere conto anche dei vari livelli di analisi fin qui incontrati e di molte peculiarità della biologia dello sviluppo. Tuttavia, per valutare le potenzialità di questa proposta è necessaria un'analisi differente e quasi esclusiva che esula dagli obiettivi di questo lavoro.



5. Beurton Peter, Falk Raphael, Rheinberger Hans-Jorg, (2000), *"The Concept of the Gene in Development and Evolution. Historical and Epistemological Perspectives"*, Cambridge University Press.
6. Bogen Jim, (2005), *"Regularities and causality; generalizations and causal explanations"*, in *"Studies in History and Philosophy of Science Part C, 36 issue 2"*, pp. 397-420.
7. Boncinelli Edoardo, (2001), *"Biologia dello Sviluppo"*, Carocci Editore.
8. Bradie Michael, (1999), *"Science and Metaphor"*, in *"Biology and Philosophy, 14"*, pp. 159-166.
9. Brandon Robert, (1997) *"Does Biology Have Laws? The Experimental Evidence"*, in *"Philosophy of Science, 64"* pp. S444-S457.
10. Brandon Robert, (1999), *"The Units of Selection Revisited: The Modules of Selection"*, in *"Biology and Philosophy, 14"*, pp. 167-180.
11. Brook William, (1997), *"Genetic Control of Segmentation in Drosophila: Zygotic Gene Expression"*, online in *"The Virtual Embryo. Dynamic Development"* (<http://www.ucalgary.ca/UofC/eduweb/virtualembryo>).
12. Buccione Roberto, Schroeder Allen, Eppig John, (1990), *"Interactions between Somatic Cells and Germ Cells Throughout Mammalian Oogenesis"*, in *"Biology of Reproduction, 43"*, pp. 543-547.
13. Cartwright Nancy, (2002), *"In favour of Laws That Are Not Ceteris Paribus After All"*, in *"Erkenntnis, 57"*, pp. 281-301.
14. Cartwright Nancy, (2004), *"Causation: One Word, Many Things"*, in *"Philosophy of Science, 71"*, pp. 805-819.
15. Cooper Gregory, (1996), *"Theoretical Modeling and Biological Laws"*, in *"Philosophy of Science, 63"* pp. S28-S35.
16. Costa Alexandre, Schedl Paul, (2001), *"mRNA Localization in Oocyte & Embryonic Development of Drosophila"*, online in *"Medline"* (<http://medline.cos.com>).
17. Craver Carl, (2002), *"Structure of scientific Theories"* online in *"Washington University in St. Louis. Arts & Sciences"* (<http://www.artsci.wustl.edu/~philos>).
18. Darden Lindley, (2002), *"Strategies for Discovering Mechanisms: Schema Instantiation, Modular Subassembly, Forward/Backward Chaining"*, in *"Philosophy of Science, 69"* pp. S354-365.
19. Darden Lindley, (2005), *"Relations among fields: Mendelian, cytological and molecular mechanisms"*, in *"Studies in History and Philosophy of Science Part C, 36 issue 2"*, pp. 349-371.
20. Dawkins Richard, (2004), *"Extended Phenotype – But Not Too Extended. A Reply to Laland, Turner and Jablonka"*, in *"Biology and Philosophy, 19"*, pp. 377-396.
21. Delehanty Megan, (2004), *"Emergent properties and the context objection to reduction"*, in *"Biology and Philosophy, in advance 2004"*.
22. Dowe Phil, (1992), *"Salmon's process theory of causality and the conserved quantity theory"*, in *"Philosophy of Science, 59"*, pp. 195-216.
23. Earman J. , Roberts J. , Smith S. , (2002), *"Ceteris Paribus Lost"*, in *"Erkenntnis, 57"* pp. 281-301.



24. Frost-Arnold Greg, (2004), *"How to be an anti-reductionist about developmental biology: Response to Laubichler and Wagner."*, in *"Biology and Philosophy, 19"*, pp. 75-91.
25. Garson Justin, Wang Linton, Sarkar Sahotra, (2003), *"How Development May Direct Evolution"*, in *"Biology and Philosophy, 18"*, pp. 353-370.
26. Gilbert Scott F., (1985), *"Developmental Biology"*, Sunderland, Massachusetts; tr. It. *"Biologia dello sviluppo"*, Zanichelli.
27. Gilbert Scott F., Jorgensen Erik, (1998), *"Wormholes: A Commentary on K. F. Schaffner 'Genes, Behavior and Developmental Emergentism'"*, in *"Philosophy of Science, 65"*, pp. 259-266.
28. Glennan Stuart, (1996), *"Mechanisms and the Nature of Causation"*, in *"Erkenntnis, 44"*, pp. 49-71.
29. Glennan Stuart, (1997), *"Capacities, Universality and Singularity"*, in *"Philosophy of Science, 64"* pp. 605-626.
30. Glennan Stuart, (2002a), *"Contextual Unanimity and the Units of Selection Problem"*, in *"Philosophy of Science, 69"*, pp. 118-137.
31. Glennan Stuart, (2002b), *"Rethinking Mechanistic Explanation"*, in *"Philosophy of Science, 69"* pp. S342-S353.
32. Glennan Stuart, (2005), *"Modeling mechanisms"*, in *"Studies in History and Philosophy of Science Part C, 36 issue 2"*, pp. 443-464.
33. Godfrey-Smith Peter, (2000b), *"On the Teoretical Role of 'Genetic Coding'"*, in *"Philosophy of Science, 67"*, pp.26-44.
34. Godfrey-Smith Peter, (2001), *"On the Status and Explanatory Structure of Developmental Systems Theory"*, in *"Cycles of Contingency, by Oyama, Griffiths and Gray"*, pp. 283-298.
35. Graham Gordon, (2002), *"Genes. A philosophical inquiry"*, Routledge, Taylor and Francis Group.
36. Grantham Todd, (2004), *"Conceptualizing the (Dis)unity of Science"*, in *"Philosophy of Science, 71"*, pp. 133-155.
37. Griffiths Paul E., (1996), *"Darwinism, Process Structuralism, and Natural Kind"*, in *"Philosophy of Science, 63"*, pp. S1-S9.
38. Griffiths Paul E., Knight Robin, (1998), *"What is the Developmentalist Challenge?"*, in *"Philosophy of Science, 65"*, pp. 253-258.
39. Griffiths Paul E., (2001), *"Genetic Information: A Metaphor In Search of a Theory"*, in *"Philosophy of Science, 68"*, pp. 349-412.
40. Griffiths Paul E., (2002a), *"The philosophy of Molecular and Developmental Biology"*, in *"Blackwell's Guide to Philosophy of Science"*, Edited by Peter Machamer, Blackwell Publishing.
41. Griffiths Paul E., (2004), *"Discussion: three ways to misunderstand developmental systems theory"*, in *"Biology and Philosophy, in advance 2004"*.
42. Hausman Daniel, Woodward James, (2004), *"Manipulation and the Causal Markov Condition"*, in *"Philosophy of Science, 71"*, pp. 846-856.
43. Jablonka Eva, (2001), *"The Systems of Inheritance"*, in *"Cycles of Contingency, by Oyama, Griffiths and Gray"*, pp. 99-116.



44. Jenson Jason, (2002), *"Innateness, Developmental Systems and Explanation"*, online in "Onegoodmove" (<http://onegoodmove.org/1gm/1gmarchive/000494.html>).
45. Keller Evelyn Fox, (1998), *"Structures of Heredity"*, in "Biology and Philosophy, 13" pp. 113-118.
46. Keller Evelyn Fox, (1999a), *"Understanding Development"*, in "Biology and Philosophy, 14" pp. 321-330.
47. Keller Evelyn Fox, (1999b), *"Elusive Locus of Control in Biological Development: Genetic Versus Developmental Programs"*, in "Journal of Experimental Zoology, 285" pp. 283-290.
48. Keller Evelyn Fox, (2000), *"The Century of the Gene"*, Harvard University Press; tr. It. *"Il secolo del Gene"*, Garzanti, 2001.
49. Keller Evelyn Fox, (2001), *"Beyond the Gene but Beneath the Skin"*, in "Cycles of Contingency, by Oyama, Griffiths and Gray", pp. 299-312.
50. Kitcher Philip, (1989), *"Explanatory Unification and the Causal Structure of the World"*, in "Scientific Explanation", University of Minnesota Press.
51. Kitcher Philip, (1999), *"The Hegemony of Molecular Biology"*, in "Biology of Science, 14", pp. 195-210.
52. Kleiner Scott, (2003), *"Explanatory coherence and empirical adequacy: The problem of abduction, and the justification of evolutionary models"*, in "Biology and Philosophy, 18", pp. 513-527.
53. Koslow Arnold, (2004), *"Laws and Possibilities"*, in "Philosophy of Science, 71", pp. 719-729.
54. Lachapelle Jean, (1997), *"Explanation, Causation, and Evolution"*, in "Biology and Philosophy, 12" pp. 243-257.
55. Lange Marc, (1995), *"Are There Natural Laws Concerning Particular Biological Species?"*, in "The Journal of Philosophy, vol. 92", pp. 430-451.
56. Lange Marc, (2001), *"Who's Afraid of Ceteris-Paribus Laws? Or: How I learned to Stop Worrying and Love Them"*, online in "University of North Carolina" (<http://www.unc.edu/depts/phildept>).
57. Lange Marc, (2004), *"The Autonomy of Functional Biology: A Reply to Rosenberg"*, in "Biology and Philosophy, 19" pp. 93-109.
58. Lasko Paul, (1999), *"RNA sorting in Drosophila oocytes and embryos"*, online in "Medline" (<http://medline.cos.com>).
59. Lewontin Richard, (2001), *"Gene, Organism and Environment: A New Introduction"*, in "Cycles of Contingency, by Oyama, Griffiths and Gray", pp. 55-58.
60. Lewontin Richard, (2001b), *"Gene, Organism and Environment"*, in "Cycles of Contingency, by Oyama, Griffiths and Gray", pp. 59-66.
61. Machamer Peter, Darden Lindley, Craver Carl F., (2000), *"Thinking About Mechanism"*, in "Philosophy of Science, 67" pp. 1-25.
62. Mahner Martin, (2001), *"Genetics and Reductionism: Unveiling Mechanism Without Metaphysics"*, in "Biology and Philosophy, 16", pp. 395-403.
63. Maynard Smith John, (2000), *"The Concept of Information in Biology"*, in "Philosophy of Science, 67", pp. 177-194.



64. Morange Michel, (1998), *“La Part des Gènes”*, Editions Odile Jacob; tr. In. *“The Misunderstood Gene”*, Harvard University Press.
65. Newman Stuart, (2003), *“The Fall and Rise of Systems Biology”*, in *“GeneWatch, 16.4”*.
66. Nickel Bernard, (2005), *“Ceteris Paribus Laws, Processes, and Genericity”*, online in *“MIT”* (<http://web.mit.edu>).
67. Oyama Susan, (2001), *“Terms in Tension: What Do You Do When All the Good Words Are Taken?”*, in *“Cycles of Contingency, by Oyama, Griffiths and Gray”*, pp. 177-194.
68. Pievani Telmo, (2005), *“Introduzione alla filosofia della biologia”*, Laterza Editori.
69. Rosenberg Alex, (2001), *“Careless Reading About the Human Genome Project”*, in *“Biology and Philosophy, 16”*, pp. 281-284.
70. Rosenberg Alex, (2002), *“How is Biological Explanation possible?”* online in *“Duke University”* (<http://www.duke.edu>).
71. Salmon Wesley, (1984), *“Scientific Explanation and the Causal Structure of the World”*, Princeton University Press.
72. Salmon Wesley, (1989), *“Four Decades of Scientific Explanation”*, in *“Scientific Explanation”*, University of Minnesota Press; tr. It. *“40 anni di spiegazione scientifica”*, Muzzio editore.
73. Salmon Wesley, (1990b), *“Scientific explanation: causation and unification”*, in Salmon 1998.
74. Salmon Wesley, (1994), *“Causality without Counterfactuals”*, in *“Philosophy of Science, 61”*, pp. 297-312.
75. Salmon Wesley, (1998), *“Causality and Explanation”*, Oxford University Press.
76. Sarkar Sahotra, (2000), *“Information in Genetics and Developmental Biology: Comments on Maynard Smith”*, in *“Philosophy of Science, 67”*, pp. 208-213.
77. Schaffner Kenneth, (1998), *“Genes, Behaviour, and Developmental Emergentism: One Process, Indivisible?”*, in *“Philosophy of Science, 65”*, pp. 209-252.
78. Scott Robert Jason, (2003a), *“Developmental Systems and Animal Behaviour”*, in *“Biology and Philosophy, 18”*, pp. 477-489.
79. Scriven Michael, (1962), *“Explanations, Predications and Laws”*, in *“Feigl and Maxwell”*, pp. 170-230.
80. Spirtes Peter, Scheines Richard, (2004), *“Causal Inference of Ambiguous Manipulations”*, in *“Philosophy of Science, 71”*, pp. 833-845.
81. Staveley Brian, (2000), *“Development of the Drosophila Body Plan”*, online in *“European Molecular Biology Laboratory”* (<http://www.embl-heidelberg.de>).
82. Sterelny Kim, Griffiths Paul E., (1999), *“Sex and Death. An introduction to Philosophy of Biology”*, The University of Chicaho Press.
83. Tabery James J., (2004), *“Synthesizing Activities and Interactions in the Concept of a Mechanism”*, in *“Philosophy of Science, 71”* pp. 1-15.
84. Teller Paul, (2004), *“The Law-Idealization”*, in *“Philosophy of Science, 71”*, pp. 730-741.
85. Vance Russell, (1996), *“Heroic Antireductionism and Genetics: A Tale of One Science”*, in *“Philosophy of Science, 63”*, pp. S36-S45.



86. Wagner Andreas, (1999), "*Causality in Complex Systems*", in "Biology and Philosophy, 14", pp. 83-101.
87. Woodward Jim, (1989), "*The Causal Mechanical Model of Explanation*", in "Scientific Explanation", University of Minnesota Press.
88. Woodward Jim, (2000), "*Explanation and Invariance in the Special Sciences*", in "British Journal for the Philosophy of Science, 51" pp. 197-254.
89. Woodward Jim, (2001), "*Law and Explanation in Biology: invariance in the Kind of Stability That Matters*", in "Philosophy of Science, 68" pp. 1-20.
90. Woodward Jim, (2002a), "*What Is a Mechanism? A Counterfactual Account*", in "Philosophy of Science, 69" pp. S366-S377.
91. Woodward Jim, (2002b), "*There is no such Thing as a ceteris paribus Law*", in "Erkenntnis, 57" pp. 303-328.

Organismi esemplari. Osservazioni epistemologiche di ordine descrittivo

Guido Caniglia

guidocani@hotmail.com

Abstract

In this article the following questions have been addressed: What are *model organisms*? What is their epistemic value? What are their epistemological characteristics? Is it possible to trace back their experimental features to their epistemic origins? Answers to such questions have been suggested using the kuhnian notion of *exemplar*. The history of *Drosophila melanogaster* in T. H. Morgan's laboratory at the Columbia University serves as a key-study. The author argues that these particular epistemic objects should be considered as *exemplar organisms* rather than as models. The differences between the two definitions are both ontological and epistemological.

Keywords: model organisms, exemplars, epistemic objects

*Bisogna cercare di portare a piena chiarezza...
ciò che aleggia in una non chiarezza fluente*

E. Husserl

*Möbius: «È strano. Ognuno di voi loda una teoria differente,
ma la pratica che mi proponete è identica, e cioè una prigione.*

Allora preferisco il mio manicomio.»

F. Dürrenmat

Premessa

Al titolo di questo lavoro è affidato innanzitutto il compito di circoscrivere l'argomento affrontato nelle pagine che seguono: il peculiare ruolo epistemico giocato da certi organismi nella pratica di alcune scienze del vivente. In secondo luogo, ne individua la tesi principale: questi organismi, solitamente definiti organismi modello, sono, nel senso kuhniano del termine, organismi esemplari. Terzo, il sottotitolo rimanda all'approccio che viene utilizzato: in questo articolo sono infatti contenute osservazioni di ordine descrittivo, ma dal valore epistemologico.

Gli interrogativi ai quali si tenterà di fornire una risposta sono pertanto i seguenti. In che modo, per mezzo di quali strumenti concettuali, può essere affrontato il problema dello statuto epistemologico degli organismi modello nelle scienze biologiche? Basta guardare alle teorie elaborate per comprenderne virtù epistemologiche e caratteristiche epistemiche? Occorre forse prendere in considerazione altre dimensioni dell'impresa scientifica (§1)? Che cosa sono e come è possibile definire tali organismi? Quale approccio viene utilizzato quando



si lavora con essi (§2)? Che cosa è un *esemplare*? Che cosa intendiamo quando diciamo che un oggetto epistemico è un *oggetto esemplare*? In che senso i cosiddetti organismi modello possono essere considerati *oggetti esemplari* (§3)? In che modo, o meglio seguendo quali percorsi epistemici, tali organismi acquistano il valore di *esemplari*? O anche, detto altrimenti, come può essere descritta la loro genesi epistemica (§4)?

L'obiettivo che il presente lavoro si prefigge è quello di mostrare in che modo sia possibile definire il ruolo epistemico e il valore epistemologico degli organismi modello facendo riferimento alla nozione kuhniana di *esemplare*.

La convinzione che lo motiva è invece che tale nozione, se adeguatamente rielaborata, può risultare utile al fine di fornire una descrizione epistemologica degli strati materiali, pragmatici e pre-teorici dell'impresa scientifica, soprattutto di quella che ha per oggetto lo «stato vivente della materia».¹

La peculiarità epistemologica ed epistemica degli *organismi esemplari*, così saranno chiamati gli organismi modello, verrà esposta innanzitutto da un punto di vista statico, vale a dire descrivendo l'uso effettivo che di essi viene fatto all'interno di determinati programmi di ricerca (§3). Questo consentirà di gettare le basi per poter poi analizzare il modo in cui essi sono arrivati, nel corso di complessi percorsi epistemici e sperimentali, ad acquistare il valore ed il ruolo che possiedono attualmente (§4).

Questo obiettivo verrà perseguito prendendo ad esempio il ruolo che un particolare organismo modello, la *Drosophila Melanogaster*, il cosiddetto moscerino della frutta, ha avuto nello studio della trasmissione dei caratteri.² Gli studi condotti nei primi anni del secolo nel laboratorio guidato da Thomas Hunt Morgan presso lo *Zoological Laboratory* della *Columbia University*, anni che segnano la data di inizio della moderna genetica, hanno infatti per oggetto il genere *Drosophila*. In particolare si guarderà con interesse al primo ingresso della *Drosophila* nei laboratori di genetica. La rilevanza epistemologica di questo momento sta nel fatto che la *Drosophila* diviene un oggetto epistemico proprio nel passaggio dallo stato naturale a quello artificiale del laboratorio.³

¹ L'espressione «stato vivente della materia» è ripresa da Buiatti (2001).

² Il genere *Drosophila* fu classificato all'inizio del XIX secolo. La specie più nota, *Drosophila melanogaster*, venne descritta verso la metà del secolo ed è probabilmente originaria delle regioni tropicali. Il moscerino dell'aceto o della frutta comparve fra il 1900 ed il 1901 presso l'Università di Harvard, dove C.W. Woodworth vi si dedicò e suggerì a W. Castle che si trattava di un organismo particolarmente adatto per studi in campo genetico. Castle, con un gruppo di collaboratori, avviò così una ricerca sugli effetti degli incroci ripetuti fra i moscerini. Intorno al 1908, anche Morgan cominciò a lavorare su *Drosophila*. In un primo tempo, questi aveva condotto le sue ricerche sui ratti, ma ben presto li abbandonò a causa dell'elevato costo, dei cicli riproduttivi troppo lunghi e della facilità con cui venivano colpiti da infezioni. Fu probabilmente Frank Lutz, un genetista della Stazione per l'Evoluzione Sperimentale di Washington a Cold Spring Harbor e collaboratore di Castle, a presentargli lo studio del moscerino. La storia sperimentale e teorica della *Drosophila* si trova ricostruita in R. E. Kohler (1991a, 1991b, 1991c, 1993, 1994), Jacob (1998, pp. 33-66), Mayr (1982, pp. 698-723), Carlson (1987), Dunn (1965), Fantini (1979).

³ Mayr (1982, pp. 699-723) ritiene, ad esempio, che sia le novità teoriche sia le innovazioni sperimentali che caratterizzano il lavoro di Morgan e dei suoi collaboratori, siano tanto importanti quanto quelle attribuite al padre della genetica Gregor Mendel. Jacob, un po' enfaticamente, ma significativamente, scrive: «'Capire come funziona una mosca' questa è stata l'ambizione dei genetisti nel corso di tutto il secolo. Fu un americano, Thomas Hunt Morgan, che per primo promosse il moscerino dell'aceto a rango di oggetto privilegiato per lo studio dell'eredità.» (1998, pp. 38-9).



1. Descrivere epistemologicamente il pre-teorico

In via del tutto preliminare è qui il caso di fare qualche osservazione riguardo al genere di analisi che si trovano svolte nel presente lavoro. Occorre innanzitutto chiarire che cosa si intende quando si parla di *osservazioni epistemologiche di ordine descrittivo*.

Nel definire le riflessioni che seguono come descrittive, si vuole metter in evidenza l'ispirazione fenomenologica che le anima.⁴ Esse hanno infatti la pretesa di chiarire alcuni dei tratti caratteristici che la prassi sperimentale presenta all'interno di un particolare e circoscritto ambito della ricerca biologica.

Descrivere significa in questo senso chiarire; mostrare i vincoli che possiede un determinato modo di agire nel mondo, quale è quello scientifico, in un determinato contesto; risalire alle dinamiche che danno vita a particolari oggetti epistemici e così via.

È forse il caso di sottolineare che, per una loro caratterizzazione essenziale, i risultati che l'analisi descrittiva può raggiungere hanno valore e senso in ambiti di discorso estremamente circoscritti e localizzati. In questo senso un approccio che si definisca descrittivo non può che avere a che fare con oggetti, atteggiamenti e approcci epistemici particolari e mai generali o universali.⁵

Rachel Ankeny, ad esempio, definisce le analisi da lei stessa condotte riguardo all'utilizzo degli organismi modello nella moderna ricerca genomica, dicendo che:

[...] viene utilizzato un metodo che potrebbe essere definito '*epistemologia descrittiva*'. Tale metodo fa uso di tecniche storiche al fine di sviluppare resoconti dettagliati che, a loro volta, aiutano a svelare quelle forme di ragionamento che sono esplicite, o più spesso implicite, nella pratica di un campo di ricerca particolare [...] Per questo motivo, l'argomentazione non si sofferma sulle risorse epistemologiche che potevano essere utilizzate al fine di difendere l'utilizzazione di organismi modello in un certo contesto sperimentale, ma al contrario, si concentra sulle strategie *effettive* e sulle assunzioni che assicurano i programmi di ricerca che segnano l'inizio dell' HGP [Progetto Genoma Umano] e sulla loro validità.⁶

L'utilizzazione di un metodo che focalizza lo sguardo epistemologico sul particolare e sulle sue caratteristiche epistemiche in maniera descrittiva ha per oggetto aspetti dell'attività scientifica che non coincidono né con le teorie già costituite, siano esse formate di concetti o di leggi, né con i puri fenomeni osservativi. Al contrario esso mira ad analizzare la prassi scientifica che precede, concettualmente e cronologicamente, teorie, spiegazioni e rappresentazioni. Ad essere analizzato è quindi il livello *pre-teorico* precedente la formulazione di una qualsiasi spiegazione (*pre-explanatory stage*). La direzione della chiarificazione filosofica si dirige verso

⁴ Non è possibile entrare qui nel merito della portata di questa affermazione. Ad ogni modo, si tenga conto del fatto che Husserl concepiva la fenomenologia come *scienza eidetica descrittiva*. Si vedano, a tale riguardo, le pagine del primo volume delle *Ideen* dedicate alle *Considerazioni metodologiche preliminari* (Husserl, 1950, pp. 157-180). Inoltre, l'ispirazione fenomenologica di questo lavoro può essere riconosciuta anche nel fatto che esso muove dalla convinzione che il lavoro filosofico veda nella chiarificazione, sia essa concettuale o di altro genere, uno dei suoi obiettivi prioritari.

⁵ A riguardo, si veda ad esempio: Ankeny (2000, p. S271).

⁶ Ankeny (2001, p. 253, corsivo mio). La stessa Ankeny fa poi esplicito riferimento ai lavori di Ian Hacking (1983) e Allan Franklin (1986) come esempi di approccio non valutativo, né normativo, ma essenzialmente descrittivo ai problemi che emergono in ambito epistemologico.



quel territorio della scienza, per dirla con Rachel Ankeny, «in cui i modelli vengono elaborati, ma spiegazioni generali o teorie non sono state ancora prodotte.»⁷

Poichè fa appello alle virtù del metodo descrittivo e poiché pretende di occuparsi epistemologicamente del *pre-teorico*, questo lavoro può essere collocato all'interno di quello che Evelyne Fox Keller definisce come *escape from the domain of theory*,⁸ o di quello che Hans-Jörg Rheinberger descrive come *post-kuhnian move away from the egemony of theory*.⁹ Si tratta di un approccio che non dà per presupposta un visione a due piani dell'impresa scientifica, il primo costituito dai fenomeni, siano essi fisici, chimici o biologici, e il secondo dalla teoria, e che non stabilisce un ordine di priorità epistemologiche ed epistemiche tra processi materiali di ricerca e elaborazione teorica, tra aspetti contenutistici e aspetti formali.¹⁰

Osservazioni epistemologiche di ordine descrittivo, infine, tentano di delineare caratteristiche, strutture e vincoli di particolari e determinati processi epistemiche, sperimentali e teorici, che hanno effettivamente avuto luogo, in qualche momento o in qualche luogo. In questo senso l'analisi descrittiva può forse aiutare a comprendere quali sono i limiti imposti alla ricerca scientifica e alle sue pretese euristiche e conoscitive dall'uso di particolari oggetti epistemiche.¹¹

2. Organismi modello

2.1 Definizioni e metafore

Gli organismi modello sono gli «[...] organismi utilizzati per lo studio dei processi biologici di base, ovvero dei normali processi cellulari, sia delle malattie genetiche sia di altre patologie.»¹² In altri termini si tratta di « [...] sottoinsiemi speciali della classe più comprensiva dei sistemi

⁷ Ankeny (2000, p. S261).

⁸ Evelyne Fox Keller critica le posizioni di Nancy Cartwright e Margaret Morrison riguardo al ruolo da loro attribuito ai modelli. «Per lo meno implicitamente, Cartwright, Morrison e Morgan iniziano tutte dando per scontata la separazione fondamentale tra teoria e oggetti, e io sostengo che tale separazione, che avvalorava inoltre una correlativa separazione tra strumenti concettuali e strumenti materiali, ma anche tra costruzione di teorie e costruzione di oggetti, opera lungo tutto il corso dei loro lavori [...]. Concludo pertanto dicendo che non si spingono abbastanza lontano e che una forma di commistione più radicale tra lavoro materiale e lavoro concettuale è richiesto da quel genere pragmatico (e realistico) di filosofia della scienza di cui vanno alla ricerca.» (Keller, 2000, p. 75).

⁹ Rheinberger (1997, p. 26).

¹⁰ «Non solo il ruolo dei modelli, ma anche il presupposto stando al quale le scienze esatte dovrebbero fornire la base per la comprensione dei metodi della scienza e della razionalità in generale sono stati recentemente messi in discussione. Ai sei 'stili di pensiero' che Ian Hacking ritiene caratterizzino le scienze, ad esempio, John Forrester ne aggiunge un altro, 'il ragionamento per casi' (*reasoning by cases*) come settimo metodo della scienza. Tale metodo sarebbe ampiamente utilizzato non solo nelle scienze umane (e biologiche), ma anche in giurisprudenza, medicina ed etica.» (Creager, Lunbeck, Wise, 2007, p. 4). Esempi di analisi epistemologica delle componenti materiali dell'impresa scientifica sono, solo per citarne alcuni: Daston (2004) e Galison (2004), Daston e Galison (2007), Rheinberger (1997), Kohler (1994).

¹¹ In particolare, si vedano i seguenti lavori: Creager, Lunbeck, Wise (2007); Chadaverian, Hopwood (2004); Daston (2004); Daston e Galison (2007), Rheinberger (1997).

¹² Klug, Cummings, Spencer (2007, p. 12). «Il termine *organismo modello* si riferisce ad un organismo utilizzato al fine di acquisire una comprensione profonda e dettagliata di un problema biologico», questa è la definizione di organismo modello fornita da Hubbard (2007, p. 60). È importante inoltre sottolineare che : «L'analisi genetica di questi organismi modello è resa rapida ed efficace poiché per ognuno di essi è a disposizione un vasto archivio di conoscenze genetiche acquisite in vari decenni di ricerca, incluse banche dati delle sequenze del loro intero genoma e collezioni di ceppi che presentano specifiche delezioni e mutazioni» Klug, Cummings, Spencer (2007, p. 568).



modello, dove questi ultimi comprendono non solo l'organismo, ma anche tecniche e metodologie sperimentali che lo riguardano.»¹³ Sull'importanza di questa seconda definizione verrà posto l'accento nei paragrafi successivi, quando si tratterà di definire in che senso gli organismi modello possono essere considerati come organismi esemplari.

Le piante *Zea mais* e *Arabidopsis thaliana*, l'artropode *Drosophila melanogaster*, il fungo *Neurospora crassa*, il mammifero *Mus musculus*, il verme nematode *Caenorhabditis elegans*, il batterio *Escherichia coli*, il lievito *Saccharomyces cerevisiae* e il pesce *Danio rerio*, anche detto zebrafish, sono solo i principali organismi che hanno popolato i laboratori di genetica nell'ultimo secolo.¹⁴

Sia che si tratti di studi sui meccanismi della trasmissione, sia che la ricerca riguardi il problema di come mappare i cromosomi di un determinato ceppo mutante, sia, come succede nella moderna genomica, che il problema consista nel comprendere come alcuni geni giungono ad espressione integrandosi con le funzioni di tutti gli altri, gli organismi modello sono spesso il materiale privilegiato della ricerca in ambito genetico. Alcuni sono stati utilizzati per lo studio dell'ereditarietà dei caratteri; altri invece sono stati oggetto di indagine per la comprensione dei meccanismi di sviluppo; altri ancora, sono entrati nei laboratori per lo studio del funzionamento di tessuti e apparati; infine, molti di essi sono divenuti oggetto di ricerca in campo biomedico al fine di individuare meccanismi e processi utili per lo studio di particolari malattie umane.

In questo paragrafo l'attenzione non si concentra sui criteri che guidano e hanno guidato l'elezione di alcuni organismi al ruolo di organismi modello della ricerca genetica. A questo obiettivo sarà dedicato il § 4.1. Qui verranno invece passate in rassegna alcune delle metafore e delle definizioni utilizzate da scienziati, epistemologi e storici della biologia al fine di designare tali organismi. Questo servirà a mettere in evidenza il ruolo che viene loro attribuito nella prassi scientifica.

Innanzitutto, oltre ad organismi modello, essi vengono detti anche *organismi sperimentali*.¹⁵ Questa prima caratterizzazione mette l'accento sul fatto non banale che gli organismi modello acquistano valore epistemico solo se inquadrati all'interno di una precisa prassi scientifica che è quella sperimentale. In questo senso tali organismi possono essere considerati, mutuando un termine dalle teorie della complessità, come *organismi attrattori*, poiché attorno ad essi si articolano le attività sperimentali di interi settori disciplinari.¹⁶

Gli organismi modello sono inoltre definiti come *organismi standard*.¹⁷ E questo innanzitutto poiché fungono da punto di riferimento per la spiegazione di fenomeni biologici caratteristici di organismi appartenenti sia a un unico *taxon* sia a *taxa* biologici differenti. Questa dicitura rimanda tuttavia anche e soprattutto al fatto che, prima di divenire tali, o meglio per divenire

¹³ Ankeny (2007, p. 47, corsivo mio).

¹⁴ *The Scientist* (2003, 17, n. 5) ha dedicato un numero speciale ad una ricognizione degli organismi modello attualmente utilizzati nella ricerca scientifica. Riguardo a lavori che si sono occupati epistemologicamente del problema degli organismi modello, si vadano in particolare: Ankeny (2000, 2001, 2007), Clarke e Fujimura (1992), Creager (2002), Kohler (1994), Leonelli (2007), Weber (2007), Hubbard (2007).

¹⁵ L'espressione *organismi sperimentali* è di Rheinberger (1997).

¹⁶ L'espressione *organismi attrattori* è di Gagliasso (2001, p. 112).

¹⁷ Questa dicitura è utilizzata in: Kohler (1994), Rheinberger (1997), Bolker (1995), Gest (1995).



tali, gli organismi modello attraversano un vero e proprio processo di standardizzazione.¹⁸ In questo senso, essi arrivano ad essere percepiti come dei veri e propri *organismi originari*, indipendentemente dal fatto che questa originarietà sia supportata o meno da argomenti di stampo filogenetico.¹⁹

Tra le metafore, due sono le più interessanti.²⁰ La prima è quella che considera gli organismi esemplari come oggetti totemici (*totem organisms*).²¹ Condurre un'analisi approfondita di questa metafora sarebbe estremamente interessante, poiché consentirebbe di mettere in evidenza aspetti importanti, sia assiologici che epistemologici, della prassi scientifica in ambito biologico. Essa potrebbe infatti aiutare a comprendere come tali organismi vengono percepiti all'interno di una determinata comunità scientifica e di quale è il valore che viene loro attribuito.²² Tuttavia, ciò condurrebbe l'argomentazione lontano dalla linea principale che si intende seguire in questo lavoro.

Un'altra metafora di estremo interesse epistemologico è quella utilizzata da Gent (1995), secondo il quale gli organismi modello costituirebbero una *chiave sperimentale* per la comprensione di determinati fenomeni biologici. Essi svolgerebbero infatti, nell'ambito della ricerca genetica, un ruolo simile a quello che nella storia della lingua ha avuto la celebre Stele di Rosetta. Gent parla addirittura di *Rosetta Stone Model System*. Come per mezzo della Stele di Rosetta è stato possibile comprendere il significato dei geroglifici attraverso la loro traduzione in una lingua conosciuta, allo stesso modo, quando si tratta di fenomeni biologici, lo studio di fenomeni sconosciuti viene condotto sulla base di quanto è possibile osservare in organismi ben conosciuti e sui quali si possiede una grande quantità di dati, come succede nel caso degli organismi modello.

2.2 Simple System Approach

Nonostante la diversità degli organismi modello e nonostante la varietà di definizioni e metafore utilizzate per descriverli, è possibile circoscrivere un approccio unitario e compatto che vede nella loro utilizzazione il centro delle proprie ricerche.²³ Questo approccio può essere definito *Simple System Approach*.²⁴

¹⁸ Kohler (1994) affronta in particolare il problema della standardizzazione nel caso della *Drosophila melanogaster* all'interno del laboratorio diretto da T. H. Morgan. Mentre Bolker (1995, 1997) si sofferma sull'analisi dei processi di standardizzazione dovuti all'uso sperimentale dei diversi organismi.

¹⁹ Ankeny (2000), ad esempio, con riferimento alla fortuna sperimentale di *Caenorhabditis elegans*, parla addirittura di *ur-worm*, poiché questi organismi, nonostante l'assenza di motivazioni di stampo filogenetico, vengono trattati come fossero organismi originari.

²⁰ Un'altra metafora interessante è quella che considera gli organismi modello come un vero e proprio microcosmo di un importante segmento del macrocosmo che è la natura. Infatti sarebbe utile considerare la rappresentatività che i risultati ricavati attraverso lo studio di organismi modello pretendono di avere nei confronti di individui appartenenti allo stesso *taxon* o nei confronti di *taxa* differenti, proprio in termini di macrocosmo e microcosmo. Si veda, a riguardo, Churchill (1997, p. 260). Non mancano poi metafore più colorite quali quella utilizzata da Richardson (2000) che vede negli organismi modello gli *workhorses* della ricerca genetica.

²¹ L'espressione viene utilizzata da Chargaff (1976) in relazione alla dimensione dei *fashions* che caratterizzano la scelta di metodi e temi privilegiati dalla ricerca scientifica.

²² Ad esempio, si consideri quanto dice Clause: «La metamorfosi del ratto da funesto messaggero della pestilenza a eroe della moderna medicina è il risultato del lavoro di molti ricercatori in differenti luoghi nella prima parte di questo secolo.» (1993, p. 331).

²³ Kellogg e Shaffer (1993, p. 409) delimitano l'uso del *Symple System Approach* alle ricerche svolte nell'ambito dei *Laboratory-based study*. Bolker (1997), inoltre, al fine di denotare l'approccio sperimentale di coloro che lavorano



Il principio che sta alla base di tale approccio è quello che Krebs (1975) definisce *The August Krogh Principle*. Ovvero: «Per un grande numero di problemi, esisterà un animale, o una serie di animali, in cui sarà conveniente studiarli».²⁵ Il principio di Krogh è alla base del cosiddetto *Simple System Approach*. In quella che potrebbe essere considerata come una rielaborazione del principio di Krogh, sebbene da una prospettiva piuttosto critica, Wimsatt scrive: «se devi spiegare un fenomeno che si presenta all'interno di un sistema complesso, cerca un sistema diverso più semplice da analizzare – idealmente, il più semplice – che esibisce quel fenomeno e studialo».²⁶

Le parole di Thomas Morgan, inoltre, mettono in evidenza l'atteggiamento di pensiero tipico di chi fa uso del *Simple System Approach*:

Che gli aspetti fondamentali dell'eredità si siano rivelati così straordinariamente semplici – scrive Morgan – conforta la nostra speranza che, in fondo, la natura sia interamente avvicinabile. Questo è incoraggiante perché se il mondo in cui viviamo fosse complicato come alcuni vorrebbero farci credere, potremmo proprio disperare che la biologia possa mai diventare una scienza esatta.²⁷

L'approccio epistemico basato sull'uso di organismi modello, il *Simple System Approach*, consiste pertanto nel ritenere valido l'assunto stando al quale sarebbe legittimo ricercare la soluzione di un problema o la spiegazione di un fenomeno biologico all'interno di un singolo organismo.²⁸ Gran parte del lavoro di chi crede nell'efficacia di questo approccio consiste innanzitutto nella ricerca dell'organismo adatto per studiare un certo tipo di fenomeno.²⁹

con gli organismi modello, si spinge addirittura a parlare di «model system paradigm». Gest (1995), invece, si limita a parlare di «experimental program».

²⁴ Il termine è mutuato da Schaffner. Questi scrive «L'approccio utilizzato in questo lavoro sarà in un primo momento *bottom-up*, nel senso che procederà prendendo innanzitutto in considerazione il modo in cui un gran numero di scienziati contemporanei elabora spiegazioni del comportamento in semplici sistemi viventi frequentemente chiamati 'organismi modello'. [...] questo approccio rappresenta il corrispondente filosofico di quello che viene definito come '*Simple System Approach*' [...]» (1998, p. 215). Il *Simple System Approach* è definito anche *Model System Approach*. Si veda ad esempio Creager, Lunbek, Wise (2007, pp. 1-20). In questo lavoro, tuttavia, si è preferito utilizzare la locuzione *Simple System Approach*, poiché una delle tesi che lo anima consiste nel sostenere che gli organismi sperimentali sono in realtà *organismi esemplari* e non modelli. Inoltre è di fondamentale importanza sottolineare il fatto che, attraverso l'utilizzazione degli organismi esemplari, processi e fenomeni biologici che si presentano in organismi estremamente complessi vengono analizzati e studiati a partire da, o sulla base di, risultati ottenuti dallo studio degli organismi esemplari.

²⁵ Krogh (1929, p. 247).

²⁶ Wimsatt (1998, p. 268). Wimsatt, inoltre, individua due importanti presupposti che stanno alla base del *Simple System Approach*. Entrambi ne mettono in evidenza alcuni aspetti, quantomeno, problematici. Il primo è che, se i meccanismi che vengono spiegati all'interno dell'organismo modello si trovano anche in quello più complesso, è necessario presupporre che essi funzionino allo stesso modo nell'uno e nell'altro. E questo non è affatto banale. Il secondo, invece, è che i fenomeni che si trovano all'interno dei sistemi più complessi devono poter essere spiegati allo stesso modo dei fenomeni che si trovano nell'organismo modello. Questi presupposti riguardano entrambi il problema di ordine valutativo della generalizzabilità dei risultati ottenuti attraverso lo studio degli organismi modello e quindi della loro rappresentatività. A riguardo, si vedano inoltre Bolker (1995,1997), Gilbert e Jorgensen (1998), Gest (1995).

²⁷ Morgan (1932, p. 19).

²⁸ Churchill (1997) conduce, da un punto di vista storico, un'analisi estremamente interessante di come, all'interno del *August Weismann's Institute of Zoology*, sia avvenuto il passaggio da programmi di ricerca che si concentravano su problemi legati alla variabilità e alla diversità, a programmi che prevedevano l'utilizzo massiccio di organismi modello e quindi del *Simple System Approach*. Mayr (1982) e Kohler (1994) mettono in evidenza, il primo concentrandosi sulla storia delle idee, il secondo invece facendo leva sui temi legati alla dimensione materiale della ricerca scientifica, in che modo il *Simple System Approach* abbia preso piede agli inizi del secolo scorso in



Questa scelta è ancora più importante perchè influenza, implicitamente, il modo di intendere il processo che deve essere spiegato. Infatti, come sottolinea Elisabeth Bolker, a lungo andare la scelta di concentrarsi su un unico organismo che possiede delle caratteristiche particolari, piuttosto che su altri tanto importanti quanto il primo ma meno adatti ad essere utilizzati nella ricerca di laboratorio, condiziona fortemente l'idea di un determinato fenomeno biologico.³⁰ È importante poi sottolineare il fatto che, da questo punto di vista, la scelta di un organismo *poco adatto*, può condurre a ignorare certe regolarità o addirittura a negarne di altre.³¹

In altri termini, la scelta di un certo organismo delimita il campo delle ricerche che possono essere effettivamente intraprese e individua le dimensioni di un fenomeno che possono essere studiate al fine di pervenire alla sua comprensione. Inoltre tale scelta sacrifica complessità e completezza in favore della semplicità e della possibilità di lavorare sperimentalmente su determinati fenomeni.³²

In questo lavoro non si entrerà nel merito della legittimità o meno del *Simple System Approach*. Ad ogni modo non ci si può esimere dal constatarne l'immensa potenza euristica ed epistemica.³³ In analogia con quanto dice Nancy Cartwright a proposito delle scienze fisiche ed economiche,³⁴ si potrebbe infatti sostenere che il *Simple System Approach*, soprattutto in ambito di scienze del vivente, sia un approccio *imperialista*, poiché determina le pratiche epistemiche da utilizzare e monopolizza gli sforzi di intere comunità scientifiche.³⁵ Detto in altri termini, si tratta di un approccio caratterizzato da una grande capacità di propagarsi nella capillarità di diversi ambiti disciplinari.

Alcuni hanno addirittura sostenuto che tale potenza epistemica ha condotto alla creazione di un nuovo grande *taxon* – vale a dire di una nuova classe collettiva di oggetti biologici – costituito da tutti e soli gli organismi modello legati tra di loro dal comune carattere dell'artificialità.³⁶

concomitanza con il passaggio dalla storia naturale alla biologia sperimentale e di laboratorio come genere di indagine privilegiato delle scienze del vivente.

²⁹ Riguardo all'importanza della scelta del giusto materiale per effettuare un determinato tipo di ricerca, si vedano: Clarke e Fujimura (1992), Holmes (1993, p. 312), Krebs (1975, p. 221).

³⁰ Bolker (1995, p. 451) osserva che, se si assume una prospettiva di lunga durata, se un certo fenomeno biologico viene studiato solo all'interno di una certa specie di organismi, è facile che si ottenga un'immagine distorta del processo stesso. Il processo verrebbe infatti plasmato su meccanismi peculiari e poco rappresentativi. Di qui nasce il problema della generalizzabilità dei risultati ottenuti.

³¹ Burian (1993, pp. 352-3) sottolinea come la scelta di un cattivo organismo possa condurre la ricerca verso dei veri e propri vicoli ciechi. Un caso emblematico è rappresentato dall'esempio di Mendel. Quando questi passa dall'utilizzazione del *Pisus* a quella dello *Hieracium*, non emerge più nessuna delle regolarità che aveva consentito la formulazione delle leggi di base della genetica mendeliana. E questo conduce l'abate ad abbandonare le ricerche precedentemente intraprese.

³² Ankeny, ad esempio, scrive: «Sia nelle indagini mediche che in quelle biologiche che fanno uso di organismi modello, complessità, completezza, e 'naturalità' sono sacrificati in favore di una costruzione selettiva di materiale che possa essere facilmente manipolato e di un a cornice teorica all'interno della quale gli scienziati possano lavorare e porre quesiti.» (2007, p. 54).

³³ Schaffner (1998, p. 214), riportando un'espressione di Brenner, parla del *Simple System Approach* come caratterizzato da una « brute force ».

³⁴ Si veda, Cartwright (1999, p. 1).

³⁵ Riguardo a quest'ultimo punto si veda Leonelli (2007).

³⁶ Alla discussione del grado di artificialità degli organismi modello sono dedicati gli ultimi paragrafi del presente articolo. Qui si tenga conto del fatto che Ankeny scrive che: «gli organismi modello possono essere considerati tutti insieme come costituenti un più largo modello descrittivo, oppure una 'famiglia di modelli', per prendere in prestito



Nonostante il potere pervasivo del *Simple System Approach*, esso non è sicuramente l'unico all'interno del variegato e complesso panorama di discipline che studiano la materia vivente. Gent (1995, p. 78-9), ad esempio, al fine di distinguere l'approccio che fonda la propria prassi di ricerca sugli organismi modello dagli altri, utilizza la metafora dei *lumpers* – letteralmente, gli scaricatori di porto, ovvero gli approssimativi – che lavorano in opposizione agli *splitters* – i pedanti, i cavillatori, coloro che spaccano il capello in quattro –. I primi sono unificatori indefessi e ricercano i meccanismi biologici comuni a tutte le forme di vita. In questo modo, sono condotti a sottostimare l'importanza della diversità e della variabilità biologiche. I secondi, al contrario, agiscono in nome della ricerca della complessità e si pongono come obiettivo primario quello di comprendere la natura e il contenuto della variabilità. Essi, diversamente dai primi, agiscono avendo di mira varietà e complessità.

Kellogg e Shaffer (1993, p. 409), dal canto loro, impostano la differenza in termini di aree disciplinari. Essi distinguono tra gli studi condotti nei laboratori di biologia molecolare, genetica e citologia, i quali hanno di mira lo studio dei meccanismi biologici in pochi organismi, e gli studi di sistematica, che si concentrano invece sull'analisi della storia evolutiva e delle relazioni filogenetiche di molti organismi, al fine di individuare cause e motivi di diversità e variabilità genetica o epigenetica.

3. Organismi esemplari

Occorre ora soffermarsi, a partire da alcuni testi di Thomas Kuhn, sulla particolare interpretazione che viene qui fornita della nozione di *esemplare*.

Nel momento in cui questa nozione verrà utilizzata al fine di fornire una descrizione del ruolo epistemico e del valore epistemologico degli organismi modello, è qui il caso di sottolinearlo, essa non potrà non subire essenziali riassetamenti di senso. La nozione di esemplare si troverà infatti ad essere incarnata negli organismi modello, o meglio essa sarà localizzata al loro interno, comportando forti slittamenti di significato rispetto all'originale definizione kuhniana. Nonostante ciò, il pregio dell'equazione concettuale che identifica *esemplari* e *organismi modello* consisterà nel rendere possibile l'osservazione dall'interno del funzionamento degli (*organismi*) *esemplari*. Sarà possibile metter in evidenza, in questo modo, quali sono le loro caratteristiche in quanto oggetti epistemici fondamentali nelle pratiche delle scienze biologiche.

3.1 Esempi per (insegnare a) fare scienza

Nel *Postscript* del 1969 a *The Structure of Scientific Revolutions* gli esemplari sono definiti come "concrete soluzioni di rompicapo che, usate come modelli o come esempi, possono sostituire

un termine, costituita dall'insieme degli stati dei fondamentali sistemi biologici possibili condivisi da tutti gli esseri viventi nei confronti dei quali particolari occorrenze empiriche di organismi possono essere testate attraverso i loro isomorfismi.» (2000, p. 268). Bolker, inoltre, sostiene che: « [...] gli organismi modello sono probabilmente peculiari rispetto ai loro stessi *taxa* di appartenenza, ma sono poi relativamente simili gli uni nei confronti degli altri.» (1995, p. 451).



“concrete soluzioni di rompicapo che, usate come modelli o come esempi, possono sostituire regole esplicite come base per la soluzione dei rimanenti rompicapo della scienza normale.”³⁷

Si prendano poi in considerazione i due passi seguenti:

Una volta che un nuovo problema è visto essere analogo a un problema precedentemente risolto, ne seguono sia un formalismo adatto, che un nuovo modo di applicare le sue conseguenze simboliche della natura. [...] Questa capacità di riconoscere somiglianze approvate dal gruppo è, credo, la cosa più importante che gli studenti imparano nel risolvere i problemi sia con carta e matita che in adatti laboratori. Nel corso del loro addestramento vengono preparati per loro un gran numero di questi esempi, e gli studenti che si preparano per una certa specializzazione fanno in generale quasi sempre gli stessi [...]. Questi esempi concreti con le loro soluzioni sono ciò cui mi sono precedentemente riferito come casi esemplari, esempi standard di una comunità.³⁸

Dopo che lo studente ha risolto molti problemi, può avere acquisito soltanto una maggiore capacità di risolverne altri. Ma all'inizio e per un certo tempo, risolvere dei problemi equivale ad imparare parecchie cose rilevanti circa la natura. In assenza di siffatti esemplari, le leggi e le teorie che lo studente ha precedentemente imparate avrebbero scarso contenuto empirico.³⁹

Al fine di chiarire in che modo gli organismi modello possano essere considerati oggetti esemplari, è innanzitutto il caso di considerare il fatto che gli *esemplari* servono soprattutto ad insegnare *come si fa* scienza. Alla pari degli esemplari kuhniani, gli organismi modello giocano un ruolo fondamentale nell'insegnamento sia nei laboratori che sui banchi di scuola.⁴⁰ Basta dare una rapida occhiata a un manuale di genetica, per accorgersi del fatto che la maggior parte delle informazioni in esso contenute è tratta da organismi modello, a discapito spesso di risultati, anche importanti, ottenuti dallo studio di altri organismi.

Insegnare a fare scienza – sia che si abbia a che fare con l'uso di particolari strumenti e tecniche, con la manipolazione di organismi di laboratorio o con la risoluzione di problemi con carta e penna – significa «mostrare [...] con l'esempio come va fatto il lavoro».⁴¹ Facendo vedere come è possibile risolvere un particolare problema, viene mostrato in che modo devono essere affrontati tutti gli altri.

Come emergerà più chiaramente nei paragrafi dedicati alla genesi epistemica degli oggetti esemplari, determinate tecniche utilizzate in ambito genetico, come ad esempio quella di fondamentale importanza della mappatura, sono state elaborate in riferimento e grazie a specifiche necessità emerse dallo studio e dalla manipolazione sperimentale di una particolare specie di organismi, nel caso specifico della *Drosophila melanogaster*.

Inoltre, poiché gli esemplari tracciano localmente e contestualmente le linee su cui l'impresa epistemica deve muoversi, attraverso di essi la prassi scientifica viene, in qualche modo, incanalata. In questo senso eminentemente pragmatico, vale a dire nel senso in cui essi sono direttamente coinvolti nei modi con cui l'impresa scientifica viene condotta, gli organismi

³⁷ Kuhn (1969, p. 212).

³⁸ Ivi, pp. 143-44.

³⁹ Ivi, pp. 226-7.

⁴⁰ Riguardo all'utilità di determinati organismi a fini didattici e, soprattutto, a proposito della connessione tra importanza didattica e ruolo sperimentale, si vedano: Kohler (1994, pp. 33-37) e Schaffner (1998, p. 214).

⁴¹ Kuhn, 1969, p. 226.



esemplari hanno un ruolo essenziale sia nella trasmissione sia nella produzione di metodi e pratiche.⁴²

In questo senso, se si tiene conto della connotazione essenzialmente pragmatica della nozione di esemplare, è possibile sostenere che gli organismi esemplari hanno un ruolo e delle funzioni di tipo costitutivo. E questo non solo e non tanto nei confronti delle conoscenze che essi consentono di acquisire o di trasmettere, ma anche e soprattutto rispetto alle tecniche e ai procedimenti, detto altrimenti, rispetto alle pratiche euristiche ed epistemiche, da utilizzare per comprendere un certo tipo di fenomeno.

Gli organismi modello, in quanto esemplari, sono in grado di strutturare attorno a sé prassi e percorsi sperimentali. In questo senso essi sono degli attrattori: un organismo esemplare è infatti «produttore di una nuova organizzazione di fenomeni.»⁴³

3.2 Embodied knowledge as practical knowledge

Al fine di comprendere che cosa può essere appreso ed insegnato attraverso l'uso degli organismi esemplari, occorre innanzitutto mettere l'accento sul fatto che, nell'esemplare, sia esso un organismo modello o un problema di fisica, sono incorporate – *embodied* – delle vere e proprie pratiche epistemiche, dei percorsi sperimentali.

È proprio l'acquisizione – tacita e implicita – di queste prassi che consente di apprendere, lavorando con esse, il modo con cui è possibile e ammissibile fare scienza all'interno di una certa comunità. A tal proposito, lo stesso Kuhn scrive:

Quando parlo di conoscenza incorporate in esemplari comunemente condivisi, non faccio riferimento a una maniera di conoscere che sia meno sistematica o meno analizzabile della conoscenza incorporata in regole, in leggi o in criteri di identificazione. Ho invece in mente una maniera di conoscere che viene travisata se ricostruita in termini di regole che vengono dapprima astratte da esemplari e poi funzionano al posto di questi.⁴⁴

Quello che preme sottolineare in questo passaggio argomentativo è che la conoscenza tramandata per mezzo degli esemplari consiste, anche e soprattutto, di pratiche. In questo senso, gli esemplari appartengono alla dimensione pragmatica e pre-teorica della ricerca scientifica: essi sono pragmaticamente costitutivi. Gli esemplari, se osservati da questo punto di vista, devono essere pensati come nodi in cui si intersecano pratiche, di vario genere, ma sempre e comunque pratiche.⁴⁵

⁴² In questo senso può essere considerato valido per gli esemplari quello che Morrison (1999) dice riguardo a modalità e contenuti dell'apprendimento per mezzo dei modelli. Infatti, come per i modelli, anche riguardo agli esemplari è possibile affermare che si apprende attraverso la loro costruzione e attraverso la loro applicazione. È importante inoltre sottolineare che, in entrambi i casi, il processo di apprendimento è portato a termine attraverso azioni pratiche e non per mezzo dell'acquisizione di regole teoriche.

⁴³ L'espressione è di Gagliasso (1998, p. 176) che la utilizza in riferimento al ruolo costitutivo che i concetti, in quanto costitutivi, hanno nelle scienze del vivente.

⁴⁴ Kuhn (1969, p. 231). Per alcune differenze che distinguono la posizione di Polanyi da quella di Kuhn, si veda Casamonti (1999).

⁴⁵ Questa osservazione è pienamente in sintonia con l'approccio epistemologico auspicato da Evelyne Fox Keller quando scrive che: "In questo modo, il dibattito [...] si trova ad essere reimpostato: il suo centro transita da problemi concernenti la veracità di differenti rappresentazioni della realtà a problemi riguardanti le preferenze dimostrate nei confronti di alcuni tipi di azione piuttosto che su altri" (1998, p. 200).



Sono infatti prassi e procedimenti ad essere esemplarizzati, e allo stesso tempo sono modi di trattare epistemicamente gli oggetti della scienza a dare vita e valore epistemici agli esemplari.⁴⁶ In questo senso lo stesso Thomas Kuhn scrive che: «La prassi della scienza dipende dall'abilità, acquisita sulla base di esemplari, di raggruppare oggetti e situazioni in insiemi simili che sono primitivi nel senso che il raggruppamento viene fatto senza dare risposta alla domanda 'Simili rispetto a che cosa?」⁴⁷

In questo senso gli *esemplari*, in generale, e gli organismi esemplari, in particolare, forniscono, sia agli scienziati di professione sia agli apprendisti della scienza, una sorta di tracciato delle possibili linee su cui proseguire nel lavoro di ricerca. Il caso citato più sopra della *Drosophila* rappresenta, a riguardo, un esempio emblematico. Infatti, nel momento in cui il numero crescente di ceppi mutanti di *Drosophila* rende necessario un nuovo modo di classificarli, prende vita la pratica della mappatura cromosomica. Una pratica epistemica e classificatoria emerge, pertanto, grazie al fatto che ad essere studiati sono dei particolari organismi, che possiedono una certa velocità riproduttiva e che non possono essere più classificati attraverso le tradizionali categorie morfologiche. In questo senso gli organismi esemplari contribuiscono a incanalare l'attività di ricerca di intere comunità.

Se è vero quindi che le pratiche si intersecano negli esemplari, è vero altresì che l'identità epistemica di quegli oggetti peculiari che sono gli organismi modello è determinata e dipende proprio da quelle stesse pratiche. È grazie alle pratiche che vi si innestano, infatti, che è possibile usufruire sperimentalmente degli organismi modello. Detto altrimenti, attraverso di loro certi organismi acquistano valore epistemico, o anche, il modo in cui alcuni organismi vengono trattati conferisce loro una certa identità epistemica.

È chiaro pertanto che il valore epistemico di un oggetto non è una proprietà monolitica e fissa che esso possiede, o che può essergli attribuita una volta per tutte. Il ruolo e il valore epistemici di un oggetto sono al contrario relativi e contestuali. Essi possono venire modificati e, anzi, lo sono di continuo. Il caso della *Drosophila* è ancora una volta emblematico. Al cambiare delle tecniche con le quali essa viene indagata, cambia radicalmente il suo statuto epistemico. Il passaggio di questo organismo dallo studio della genetica all'analisi biochimica, ad esempio, è dovuto al cambiamento delle tecniche attraverso le quali esso veniva studiato, dalla mappatura, al trapianto, per finire con la trasfusione.⁴⁸

Si consideri infine quanto Kuhn scrive riguardo al genere di conoscenza che viene tramandata attraverso gli esemplari: «M. Polanyi – scrive Kuhn – ha sviluppato brillantemente un tema molto simile, argomentando che gran parte della riuscita di uno scienziato dipende da una 'conoscenza tacita' cioè da una conoscenza che è stata acquisita attraverso la pratica e che non può venir articolata esplicitamente».⁴⁹

⁴⁶ Leonelli (2007) parla in particolare di *skills* più che di conoscenze apprese.

⁴⁷ Kuhn (1969, p. 240).

⁴⁸ Per una trattazione esaustiva dell'impatto avuto dall'invenzione di queste nuove tecniche sullo studio della *Drosophila*, si veda Kohler (pp. 208-247). Casamonti (1999, p. 304), invece, con particolare riferimento al significato di *esemplare* nell'opera di Kuhn, sottolinea il fatto che l'apprendimento attraverso gli esemplari avviene seguendo binari pragmatici. La pratica permette infatti l'acquisizione di regole che sono conosciute come tali dalla persona che le utilizza. L'ostensione di pratiche contribuisce alla formazione di significati.

⁴⁹ Kuhn (1962, p. 66).



È interessante, a proposito di questo passo, confrontare la posizione di Kuhn con quanto scrive Hans Jörg Rheinberger, il quale definisce la dimensione tacita come luogo dell'*Erfahrenheit*, del *being experienced*. Tale dimensione dell'attività scientifica non può e non deve essere confusa con la semplice esperienza – *Erfahrung* o *experience* –, poiché si tratta di una dimensione che può essere *acquired*, ma non *learned*. E questo poiché non è costituita di regole esplicite da applicare, bensì di «regole che non sono riconosciute in quanto tali da colui che le segue». ⁵⁰ Infatti, queste regole sono «apprese attraverso l'azione». ⁵¹

3.3 Valore costitutivo degli organismi esemplari. Aspetti epistemologici

Al fine di delineare con maggior precisione la peculiarità epistemologica degli organismi esemplari, occorre mostrare in che senso essi svolgono un ruolo differente da quello solitamente attribuito ai modelli. È possibile infatti sostenere che gli organismi modello, nonostante il nome, non sono modelli. E questo per due motivi: il primo di ordine più marcatamente epistemologico (§ 3.3), il secondo invece di stampo ontologico (§ 3.4).

Si prenda in considerazione innanzitutto l'aspetto epistemologico. Da questo punto di vista, come è stato chiarito nei paragrafi precedenti, gli organismi modello hanno un ruolo costitutivo sia nei confronti di pratiche sperimentali sia rispetto alle conoscenze che da esse possono essere ottenute. Al contrario, la funzione che i modelli sono chiamati ad assolvere è essenzialmente di tipo rappresentativo. ⁵²

In secondo luogo, questa volta dal punto di vista ontologico, quando si parla di organismi esemplari, non si fa riferimento a oggetti che intrattengono una relazione di similarità o di analogia con ciò che deve essere spiegato. Al contrario, gli organismi modello *sono* gli oggetti epistemici che devono essere spiegati. Detto diversamente, gli organismi modello non sono studiati in quanto analoghi, o simili, a quelli che si trovano in natura, ma divengono essi stessi la natura che deve essere spiegata. Ma questa assunzione è tutt'altro che banale.

⁵⁰ Rheinberger (1997, p. 78).

⁵¹ Ivi, p. 77. Lo studio di queste caratteristiche pragmatiche dovrebbe divenire, secondo Rheinberger, oggetto di una vera e propria *pragmatogonia*, vale a dire di uno studio che, unendo approccio storico ed epistemologico, chiarisca il ruolo e le caratteristiche delle pratiche che animano e danno vita all'attività scientifica. (Ivi, p. 26) È interessante, dato che l'impostazione utilizzata nel presente articolo si rifà direttamente ad alcuni aspetti della fenomenologia husserliana, sottolineare che lo stesso Rheinberger riconduce l'origine dell'idea di una *pragmatogonia* allo scritto di Edmund Husserl *Vom Ursprung der Geometrie*. Inoltre Rheinberger accosta direttamente l'approccio utilizzato da Husserl in tale scritto al metodo utilizzato da Ian Hacking (1983).

⁵² Non è qui possibile entrare nel merito di una valutazione del valore rappresentativo che viene solitamente assegnato ai modelli. Ad ogni modo è possibile affermare che, secondo accezioni di senso anche a volte differenti, c'è concordia nell'attribuire ai modelli la funzione di rappresentare la realtà. Sia che si tratti di modelli altamente formalizzati, sia che si abbia a che fare con modelli materiali (si veda ad esempio, Chadaverian e Hopwood (2004)) o descrittivi (come ad esempio in Ankeny (2000)), è possibile sostenere che si i modelli hanno, in estrema sintesi, portata rappresentazionale. Nella rassegna fatta da Frigg e Hartmann alla voce *Models in Science* della *Stanford Encyclopedia of Philosophy* riguardo all'uso dei modelli nelle scienze, questi scrivono: «I modelli possono assolvere due tipi di funzioni rappresentazionali fondamentalmente differenti. Da un lato, un modello può essere la rappresentazione di una parte del mondo previamente selezionata (il *'target system'*). In dipendenza dalla natura del *target* tali modelli possono essere suddivisi in modelli di fenomeni e modelli di dati. Dall'altro lato, un modello può rappresentare una teoria nel senso che esso rappresenta le leggi e gli assiomi di quella teoria. Queste due nozioni non sono mutuamente esclusive, poiché i modelli scientifici possono essere rappresentazioni in entrambi i sensi allo stesso tempo.» Si vedano inoltre i lavori contenuti in Morgan e Morrison (1999).



Entrambi gli aspetti, quello epistemologico e quello ontologico, possono essere ricondotti a una riflessione, spesso trascurata, di Hans Krebs:

Poiché i materiali scelti per lo studio sono essi stessi rappresentativi di alcuni principi fondamentali – scrive Krebs – , essi sono esempi (*examples*) piuttosto che modelli (*models*), termine che viene usato spesso in tali contesti. I ‘modelli’ sono solitamente associati a qualcosa che si avvicina alla cosa reale, ma che in realtà non è la cosa reale. Essi sono infatti modelli nel senso di essere analoghi, ma non identici, all’oggetto nel quale vengono ricercate le informazioni.⁵³

In accordo con Krebs, qui si sosterrà che, sia sul piano epistemologico che su quello ontologico, gli organismi modello non possono essere considerati come modelli. In questo modo sarà infatti possibile descrivere la peculiarità epistemologica degli organismi modello *qua* oggetti esemplari.

Gli organismi modello, in quanto esemplari, per poter avere un ruolo all’interno della fitta rete di attività che caratterizza le scienze della vita, non devono necessariamente rappresentare qualcos’altro. Essi sono rilevanti nei confronti di qualcos’altro; sono in grado di aiutare nella comprensione di un fenomeno presente anche altrove, in altri organismi; riescono a indicare le pratiche attraverso le quali qualcos’altro deve essere studiato; sono inoltre in grado di imporre su altri organismi la spiegazione di alcuni fenomeni che si presentano in essi, ma non sono la rappresentazione di qualcos’altro.⁵⁴

In questo senso è possibile sostenere, in sintonia con quanto detto precedentemente, che gli organismi esemplari sono produttori di prassi e conoscenze, senza essere costretti con ciò a dover rappresentare qualcosa.

In questo senso gli organismi esemplari possiedono caratteristiche che li accomunano piuttosto a degli strumenti. Rheinberger, ad esempio, ritiene che essi siano dei semplici strumenti, degli oggetti tecnici che devono essere annoverati tra le *experimental conditions* della scienza e che non possono avere la dignità epistemologica posseduta invece dalle *entità epistemiche*. Occorre tuttavia ricordare che la distinzione che Rheinberger traccia tra *experimental conditions* ed *epistemic entities* non è una differenza di tipo strutturale, ma ha valore solo funzionale. Ad essa viene infatti assegnato il compito di aiutare nella comprensione del gioco delle innovazioni – *game of innovation* –, che coincide poi con l’emergere di novità, con il presentarsi di eventi non ritenuti interessanti fino a quel momento.⁵⁵ La collocazione degli organismi modello tra gli strumenti della scienza, anche se non rende pienamente giustizia alla loro complessità epistemica, consente tuttavia a Rheinberger di mettere in evidenza il fatto che ad essi è affidato il compito fondamentale di articolare la ricerca in un

⁵³ Krebs (1975, p. 225).

⁵⁴ È qui utile distinguere tra ‘rappresentare qualcosa’ e ‘essere rappresentativo di qualcosa’. Si tratta di due relazioni estremamente diverse. Negare che gli organismi modello non costituiscano la rappresentazione di un fenomeno o di un altro organismo, come si fa in questo articolo, non significa negare il fatto che essi possano essere rappresentativi nei confronti di quei fenomeni o di altri organismi. Tuttavia quello della rappresentatività è un problema che non può essere affrontato all’interno del presente lavoro poiché si tratta di un problema di tipo essenzialmente valutativo. Per ulteriori spunti di riflessione su questa distinzione, si vedano Fox Keller (2000) e Creager, Lunbeck, Wise (2007, pp. 1-20).

⁵⁵ Si veda Rheinberger (1997, pp. 31-2).



complesso campo di pratiche epistemiche – *field of epistemic practices*.⁵⁶ Parafrasando lo stesso Rheinberger, il quale parla di spazi di rappresentazione, si può sostenere che gli organismi modello esibiscono il loro significato all'interno di uno spazio di azioni, manipolazioni e pratiche sperimentali.⁵⁷

In questo senso gli organismi modello accampano la pretesa, nella loro effettiva singolarità, di esaurire il dominio dell'*explanandum*: essi sono tutto ciò che deve e può essere spiegato. Essi, poiché soprassedono all'elaborazione delle pratiche sperimentali che danno forma e vita al lavoro scientifico, pretendono di poter fungere da esempio di come qualsiasi organismo deve essere trattato epistemicamente nell'ambito di un approccio che voglia dirsi e ritenersi scientifico. Altrimenti detto, attraverso la loro capacità di articolare pratiche, grazie al ruolo di organismi attrattori che essi rivestono, gli organismi modello possono essere considerati dei veri e propri «luoghi per la produzione di conoscenze».⁵⁸

Inoltre, il fatto di non obbedire a dinamiche di tipo rappresentazionale, rende gli esemplari poco adatti a assolvere quelle mansioni epistemiche di mediazione che vengono solitamente assegnate ai modelli.⁵⁹ Ad essi non può essere infatti assegnato il compito di mediare tra il mondo fenomenico – l'universo dei fenomeni biologici da spiegare, il preteso *explanandum* – e l'insieme delle teorie, le quali devono spiegare quello stesso mondo – in altre parole l'*explanans*. È a questo punto possibile vedere in che senso.

3.4 Organismi come gli altri e diversi dagli altri. Aspetti ontologici

Il fatto che gli organismi modello non abbiano e non possano avere il ruolo di mediatori può essere ricondotto al secondo degli aspetti sottolineati più sopra, vale a dire al fatto che essi, al contrario dei modelli stessi, sono ciò che deve essere spiegato. Al contrario dei modelli, infatti, gli organismi esemplari non rivestono in alcun modo un ruolo rappresentazionale nei confronti dei fenomeni oggetto di ricerca, e questo poiché pretendono di essere quel fenomeno.

In questo senso, diversamente dai modelli, gli organismi esemplari studiati all'interno dei laboratori sono considerati come organismi alla pari degli altri, solo più facili da manipolare sperimentalmente. Ricordando quanto affermato da Krebs, se è vero che «i 'modelli' sono solitamente associati a qualcosa che si avvicina alla cosa reale, ma che non è la cosa reale stessa», lo stesso non potrebbe essere ritenuto valido se affermato in relazione agli organismi esemplari. Agli occhi di chi lavora con un certo organismo modello, ad esempio con la *Drosophila*, il moscerino della frutta non rappresenta, ma è ciò che si vuole spiegare.

In questo ambito di discorso, è utile riprendere in considerazione il fatto che gli esemplari kuhniani consistono di esercizi da risolvere per iscritto, o di simulazioni di situazioni

⁵⁶ Keller, a proposito della dimensione pratica caratteristica dei modelli, scrive: «[...] voglio sostenere che questi modelli sono anche e simultaneamente mezzi o strumenti per il cambiamento materiale, guide per il fare oltre che per il pensare [...]» (2000, p. S77). Ciò può essere ritenuto vero anche per gli organismi esemplari.

⁵⁷ Si veda Rheinberger (1997, pp. 16-18)

⁵⁸ Questa espressione è più volte utilizzata in Creager, Lunbeck, Wise (2007).

⁵⁹ Attorno all'idea per cui i modelli sarebbero entità epistemiche mediatrici ruotano i saggi raccolti nel volume *Models as mediators*, edito da Morgan e Morrison (1999). Si veda in particolare Morrison e Morgan (1999, pp. 10-38). Secondo le autrici il potere che hanno i modelli di riuscire a mediare tra le teorie e i fenomeni sarebbe dovuto alla loro peculiare indipendenza epistémica.



sperimentali che vengono sottoposte all'apprendista fisico durante gli anni della sua formazione. Attraverso la soluzione degli esercizi oppure per mezzo dei protocolli sperimentali che vengono loro sottoposti all'interno dei laboratori, gli studenti apprendono – *acquire* –, tacitamente o implicitamente, come devono risolvere esercizi o altre situazioni sperimentali che si troveranno ad affrontare nel corso delle ricerche successive.

Un esercizio da risolvere, o una situazione di laboratorio da affrontare, non sono modelli analoghi o simili a quanto lo scienziato dovrà fare nel corso delle sue ricerche. Essi sono semmai una sorta di simulazione di quanto lo scienziato dovrà fare in seguito. Essi sono appunto esempi di ciò con cui lo studente, una volta passato al rango di ricercatore, si troverà concretamente ad avere a che fare. Soprattutto nel caso dell'esercizio svolto attraverso l'esperimento di laboratorio, il fisico, nel momento in cui si troverà a fare ricerca, affronterà situazioni differenti allo stesso modo, vale a dire nel modo in cui gli è stato insegnato attraverso le numerose esercitazioni di laboratorio.

I problemi risolti, pertanto, non sono simili, ma possono essere considerati gli stessi che dovranno in seguito essere risolti. Allo stesso modo gli organismi esemplari non sono né rappresentazioni né modelli di organismi presenti altrove. Essi hanno, per così dire, un doppio volto. E proprio in questo sta la forza epistemica dell'approccio, il *Simple System Approach*, che ne fa uso. Essi, come sarà mostrato negli ultimi paragrafi di questo lavoro, possono essere infatti considerati, da un lato, organismi artificiali, poiché hanno subito un lungo processo di adattamento alle pratiche e alle esigenze della ricerca scientifica di laboratorio; mentre dall'altro, sono normali organismi dotati di tutte le caratteristiche che contraddistinguono gli organismi della stessa specie allo stato *wild* fuori dall'ecosistema del laboratorio.⁶⁰ Nel caso della *Drosophila*, ad esempio, in quanto organismo esemplare, essa è, innanzitutto, il risultato di una sorta di addomesticamento, e in secondo luogo, poiché proviene dalla natura e non è il semplice prodotto di pratiche di laboratorio, è un organismo biologico a tutti gli effetti.⁶¹

4. Esemplarizzare. Genesi epistemica degli organismi esemplari

Quanto detto nei paragrafi precedenti interessa organismi esemplari già pronti per l'uso, didattico o euristico che esso sia. Tuttavia, la loro descrizione epistemologica, se ci si limitasse a questo livello, non potrebbe essere considerata esaustiva. Alla pari degli esercizi kuhniani, infatti, i quali devono essere elaborati da qualcuno in modo da risultare adatti al ruolo epistemico che è loro assegnato, anche gli organismi esemplari, per poter diventare tali, devono passare per un processo di elaborazione e costituzione. Per descrivere tale processo, si

⁶⁰ A riguardo si veda quanto dice Ankeny (2007, pp. 49-50).

⁶¹ Creager, Lunbeck e Wise, ad esempio, affrontando il problema con particolare riferimento alle scienze umane scrivono: « I casi, in queste discipline, sono valutati in base alla loro specifica consistenza materiale, per la loro individualità e allo stesso tempo per la loro tipicità. I casi, si dice, catturano le individualità in tutta la loro complessa unicità, e al contempo la rappresentano in una forma generale e analizzabile.» (2007, p. 13). Ciò può essere ritenuto valido anche riguardo all'interpretazione degli organismi modello come organismi esemplari.



parlerà di genesi epistemica degli organismi esemplari, di *processo di esemplarizzazione*, o semplicemente di *esemplarizzazione*.⁶²

Al fine di ripercorrere descrittivamente la genesi epistemica degli organismi esemplari, sarà necessario affrontare un triplice ordine di problemi. Il primo consiste nel comprendere quali sono i motivi che spingono ad eleggere una specie piuttosto che un'altra a ruolo di organismo esemplare. Il secondo consentirà invece nel concentrare l'attenzione su quanto di epistemologicamente interessante accade nel passaggio di alcuni organismi dagli ecosistemi naturali all'ecosistema-laboratorio. Terzo e ultimo, occorrerà vedere come, una volta entrati e stabilitisi all'interno del laboratorio, quegli stessi organismi vengono modificati al fine di essere resi più adatti alle pratiche sperimentali attraverso cui vengono indagati.

In questo modo, considerandone la genesi, sarà possibile muovere i primi passi verso una possibile valutazione della loro utilizzazione.

4.1 Scegliere l'organismo appropriato. I criteri

Tra le tante caratteristiche che possono essere prese in considerazione per giustificare la scelta di determinati organismi, una riassume tutte le altre: «They're practical.»⁶³ In questo modo, emerge la loro caratteristica fondamentale, il fatto che si tratta di organismi particolarmente adatti ad essere studiati sperimentalmente all'interno dei laboratori.

Un organismo esemplare deve essere poco costoso da mantenere in un ambiente artificialmente costruito; abbondante e copioso; capace di riprodursi con facilità; deve produrre una progenie popolosa; è il caso che possieda piccole dimensioni; meglio se ha periodi molto brevi di gestazione; e, infine, per quanto riguarda gli studi particolarmente legati all'ambito genetico, deve possedere un genoma abbastanza piccolo e non particolarmente complesso.

Se questi sono i criteri generali che consentono l'identificazione e l'elezione di particolari organismi a organismi esemplari, ce ne sono altri che riguardano solo particolari fenomeni biologici. In particolare, ad esempio, l'alta capacità di dare vita a ceppi mutanti oppure particolari proprietà legate alle caratteristiche funzionali dei genomi sono decisive nell'ambito delle ricerche genetiche.

⁶² Il riferimento è qui alla nozione di genesi elaborata da Edmund Husserl. In un discorso di ordine epistemologico, fare uso di tale nozione può risultare utile soprattutto in relazione al fatto che, alla fenomenologia genetica viene affidato il compito di rintracciare, attraverso l'esposizione della loro genesi, i percorsi che hanno consentito a certe oggettualità di acquisire il senso e le fattezze che esse possiedono. Si tratta quindi di un metodo che, interrogando all'indietro la costituzione degli oggetti, ritrova il senso di ciò che, attraverso uno sguardo statico, è possibile vedere solo come già definitivamente costituito. In questo lavoro, si parla di genesi epistemica degli organismi esemplari, poiché si tenta di rintracciare le loro origini di senso sperimentale ripercorrendo i tracciati genetico-epistemici che contribuiscono a conferire loro una certa identità sperimentale.

⁶³ *The Scientist* 2003, 17 (Supplement 1), 5. Si prenda in considerazione, ad esempio, quali sono le motivazioni che, secondo Jacob, spinsero Morgan ad abbandonare i topi come organismi modello: «Egli lavorò in un primo momento su topi e ratti, ma li abbandonò molto presto perché i mammiferi erano molto costosi, si producevano troppo lentamente ed erano troppo facilmente colpiti da infezioni. Morgan passò allora alla drosophila. [...] Questa piccola mosca dell'aceto [...] subito mostrò notevoli qualità: molto piccola, facile da allevare in laboratorio; adatta a esperimenti di mutazione ed incrocio; si riproduce tutto l'anno senza sosta; una nuova generazione ogni dodici giorni, ovvero circa trenta generazioni all'anno, da ogni femmina fino a mille uova; maschi e femmine facilmente distinguibili; quattro cromosomi soltanto. Insomma, l'animale ideale per lo studio dell'eredità.» (1998, p. 39).



Particolare attenzione merita ad ogni modo il fatto che, tra i criteri di scelta, spesso non ve ne sia nessuno di ordine filogenetico. Difficilmente cioè, se non mai, è dato leggere motivazioni basate sulla storia dello sviluppo evolutivo degli organismi sui quali si concentra la maggior parte delle ricerche.⁶⁴ Questa mancanza dovrà essere presa in considerazione e attentamente valutata, nel momento in cui l'uso degli organismi modello e i risultati ottenuti attraverso il loro studio dovessero divenire oggetto di valutazione epistemologica e non più di descrizione. Se si guarda infatti alle motivazioni che ne dovrebbero giustificare l'elezione a organismi esemplari, appare evidente quanto sia problematica la loro pretesa di rappresentatività. Sembrerebbe, anzi, che ciò che rende gli organismi esemplari stimabili da un punto di vista sperimentale, non faccia che elevare a regola le loro peculiarità, per dirla con Isabelle Stengers, la loro *singularità*. Ciò che è particolare, e pertanto sperimentalmente significativo, diviene, in qualche modo, standard. Bolker, ad esempio, scrive:

Il modo in cui scegliamo i nostri modelli li rende decisamente meno rappresentativi di quanto noi stessi siamo disposti ad ammettere. Scegliendo delle specie che, rispetto a quelle imparentate con esse, si sviluppano rapidamente, non sono sensibili alle influenze dell'ambiente, sono piccole anche quando raggiungono lo stato adulto e hanno brevi periodi di gestazione, selezioniamo organismi che condividono un particolare tipo di storia evolutiva. Di conseguenza, questi organismi potrebbero condividere una serie convergente di adattamenti che li rende poco rappresentativi dei *taxa* ai quali essi stessi appartengono.⁶⁵

Al di là delle motivazioni specifiche che conducono a scegliere particolari tipi di organismi, il risultato della scelta consiste nel fatto che alcuni di essi assumono un ruolo centrale, sia a livello disciplinare sia su un piano più trasversale. I risultati relativi alle ricerche effettuate su particolari organismi e i dati ad essi relativi, anche grazie all'uso che se ne fa in particolari comunità scientifiche, sono in grado di disseminarsi attraverso la capillarità di una determinata cultura epistemica e sperimentale.

Gli organismi esemplari, per dirla con Nancy Cartwright ed Eveline Fox Keller, arrivano a conquistare una cultura sperimentale. Anzi di più, il loro ruolo di esemplari è direttamente legato alle potenzialità che essi possiedono di propagarsi all'interno della comunità scientifica poiché determina le pratiche sperimentali che essa utilizza.⁶⁶

Se si prende in esame ad esempio il caso della *Drosophila* e se si considerano le motivazioni che l'hanno resa uno degli organismi di riferimento delle ricerche in ambito genetico, emerge chiaramente come il moscerino della frutta sia stato scelto soprattutto per la sua capacità di produrre con grande velocità, attraverso particolari tecniche di induzione, un grande numero di ceppi mutanti.⁶⁷ Inoltre, è significativo come, nel caso della *Drosophila*, gli esperimenti che

⁶⁴ Bolker (1995), ad esempio, scrive: "phylogeny is rarely or never a factor in the choice of model systems." (1995, p. 453).

⁶⁵ Bolker (1997, p.435).

⁶⁶ Queste sono caratteristiche spesso attribuite a particolari modelli sperimentali o ad altri generi di oggetti epistemici. Si veda, ad esempio, Rheinberger (1997, p. 109). Gagliasso, invece, li ritiene attributi dei concetti di cui fanno uso le scienze biologiche «un novo concetto si giustifica attraverso l'uso, ovvero perché si propaga all'interno della comunità scientifica» (1998, p. 176).

⁶⁷ Kohler sottolinea spesso il fatto che la *Drosophila* ha trovato un'accoglienza favorevole nel laboratorio di Morgan proprio a causa della sua alta capacità di produrre ceppi mutanti, detto altrimenti a causa del suo elevato *mutation rate*. Inoltre, il moscerino della frutta possiede altissima velocità di riprodursi, Kohler la definisce come un vero e



originariamente servivano a misurare la selezione, e che fungevano quindi da guida per lo studio dei meccanismi evolutivi, divennero in un secondo momento un mezzo per spiegare, da un lato, i meccanismi dell'ereditarietà, mentre dall'altro servirono per gli studi sulla determinazione del sesso, il tutto all'interno di una matrice teorica di stampo neo-mendeliano.⁶⁸

4.2 Standardizzare. Percorsi epistemici

L'individuazione dei criteri che consentono di selezionare alcuni organismi per particolari obiettivi di ricerca rappresenta solo il primo passo del processo che caratterizza il percorso di genesi epistemica degli organismi modello. Se è vero infatti che certe proprietà fanno sì che alcuni organismi abbiano la precedenza nei programmi di sperimentazione, è anche vero che quegli stessi organismi, una volta selezionati, subiscono un vero e proprio processo di standardizzazione. Essi vengono infatti letteralmente svuotati delle loro peculiarità, diversità e variabilità naturali.

In questo senso, ad esempio, Ankeny (2007) individua due motivi per cui sarebbe possibile addirittura parlare di una loro idealizzazione. Il primo riguarda la scelta del *wild type*, ovvero la selezione della versione di un organismo che deve essere considerata come norma e nei confronti della quale vengono misurate e definite le eventuali anomalie. Questo primo motivo coincide in parte con i criteri che guidano la scelta degli organismi modello. Il secondo, invece, è legato al fatto che i dati ricavati dallo studio sperimentale di un fenomeno biologico in un particolare organismo modello vengono organizzati in un modello descrittivo di tale fenomeno. Un esempio di modello descrittivo è fornito dai *wire diagrams* del sistema nervoso del verme nematode *Caenorhabditis elegans*. Nel momento in cui si fa riferimento a tale raccolta di dati organizzati a formare un modello descrittivo, si ha già a che fare con una situazione in qualche modo idealizzata.

Il processo di creazione di organismi standard, inoltre, si muove su due direttrici.⁶⁹ La prima riguarda l'essenziale relazione che lega un organismo al suo ambiente. Se cambia l'ambiente in cui esso vive, infatti, non si può pretendere che l'organismo rimanga identico. L'organismo intero, in quanto oggetto di pratica sperimentale, nel momento in cui diviene abitante del laboratorio, non può che subire un profondo processo di trasformazione.

La seconda direttrice di standardizzazione interessa invece la relazione che lega l'intero organismo, in primo luogo, con il particolare fenomeno biologico che si vuole studiare in esso, e secondo, con le tecniche impiegate per studiarlo. Un esempio a riguardo è fornito dall'utilizzazione della tecnica della mappatura dei differenti ceppi mutanti di *Drosophila* al fine di fornirne una classificazione adeguata.

proprio *breed reactor*. Questi due fattori presi assieme l'hanno resa l'organismo ideale per gli studi sulla genetica della trasmissione.

⁶⁸ All'inizio della sua carriera di organismo sperimentale, la *Drosophila* veniva utilizzata soprattutto in materia di evoluzione e embriologia. In un secondo momento, con l'invenzione da parte di Sturtevant della tecnica della mappatura, il moscerino della frutta diviene il materiale favorito per lo studio della trasmissione dei caratteri.

⁶⁹ Il fatto che la standardizzazione fosse l'obiettivo della manipolazione di alcuni organismi modello viene sottolineato in particolare da Kohler (1994, pp. 53-91) e da Clause (1993, pp. 341-9).



4.2.1 Cambiare contesto

L'entrata nel laboratorio degli organismi può essere inquadrata da due punti di vista. Il primo riguarda il fatto, non secondario, che, una volta entrati in un qualsiasi laboratorio, gli organismi si trasformano in oggetti epistemici, ovvero diventano oggetto di una attenzione teorica, nonché di una prassi scientifica particolari. Per dirla con Kuhn, cambia il modo in cui essi sono osservati, cambia il *seeing as* a essi rivolto. È possibile tuttavia aggiungere che, oltre al modo in cui essi vengono osservati, cambia anche e soprattutto la maniera in cui vengono trattati. A subire modificazioni essenziali, insomma, non è solo il *seeing as*, ma anche il loro *treating as*.

Gli organismi modello possiedono quasi una seconda natura creata appositamente dagli scienziati.⁷⁰ Essi, infatti, vengono sottoposti a un processo di addomesticamento per far sì che forniscano prestazioni dal particolare valore sperimentale.⁷¹ In questo senso tali organismi possono essere considerati molto simili ai documenti etnografici che consentono lo studio della cultura materiale di una certa civiltà e che assurgono al rango di monumenti solo nel momento in cui sono valorizzati come reperti all'interno dell'ambito museale.⁷²

Il secondo punto di vista che rende epistemologicamente interessante il passaggio dall'ambiente naturale a quello del laboratorio, invece, può essere affrontato a partire dal fatto che l'ambiente è una caratteristica fondamentale per la definizione di un organismo.⁷³ La vita all'interno dei laboratori ha semplicemente altre regole rispetto a quella che si svolge fuori, nel mondo naturale. Differenti sono anche le caratteristiche che un organismo deve possedere per sopravvivere al suo interno. In altre parole, nel laboratorio vigono altre regole di selezione. L'osservatore, lo scienziato, con la sua azione sperimentale, influenza infatti il risultato degli esperimenti, di ciò che può e deve essere osservato. Il vantaggio selettivo che un individuo, o un gruppo di individui, possono avere non deve essere considerato più rispetto all'ambiente naturale o ai gruppi che lo abitano, bensì in relazione agli scienziati e alle loro pretese pratiche e teoriche.

Ad esempio, Kohler scrive: «Le speciali forze selettive dei laboratori sperimentali favoriscono forme mutanti estreme e allo stesso tempo sopprimono la variabilità genetica nascosta. In un ambiente naturale, era esattamente il contrario: in quel caso la pressione dei cambi stagionali e la competizione ostacolavano forme meno autonome, ma favorivano la variabilità».⁷⁴ Questo vantaggio dell'omologazione all'interno dei laboratori, in opposizione al vantaggio fornito dalla diversità nel mondo naturale, sarà un altro degli elementi da prendere in considerazione nel momento in cui si volesse valutare la portata dei risultati ottenuti attraverso l'applicazione del *Simple System Approach*.

⁷⁰ L'espressione «second nature» è utilizzata ad esempio da Kohler (1994, p. 23).

⁷¹ Churchill (1997, p. 266) individua tre tappe che scandiscono il processo di standardizzazione cui vengono sottoposti gli organismi modello: *domestication, inbreeding, selection*. Anche Kohler sostiene che gli organismi della specie *Drosophila* siano stati sottoposti a un «kind of domestication».

⁷² Si veda ad esempio Solinas (1989, p. 5).

⁷³ « È un principio fondamentale della genetica dello sviluppo che ogni organismo sia il prodotto di un'interazione unica tra geni e sequenze ambientali modulate dagli eventi casuali della crescita e della divisione cellulare e che tutto ciò, congiuntamente, produca alla fine un organismo. Inoltre un organismo cambia nell'arco della sua intera vita. Le dimensioni degli essere umani cambiano, non solo crescendo da bambini, ma anche con l'invecchiamento, diventando più piccole quando giunture e ossa si ritirano.» (Lewontin, 2005, pp.26-7).

⁷⁴ Kohler (1994, p. 54).



Un caso emblematico di come questo passaggio dall'ambiente naturale al laboratorio possa influenzare le caratteristiche dell'*explanandum* è rappresentato dall'ingresso della *Drosophila* nel laboratorio di Morgan, in quella che Mayr definisce « la stanza dei moscerini »⁷⁵. Si tratta infatti di un passaggio di particolare importanza sia da un punto di vista storico che teorico. Da allora e per un certo numero di anni, almeno fino all'arrivo di Dobzhansky alla *Columbia University*, l'evoluzione, ma anche i problemi legati all'ereditarietà dei caratteri, non sono più studiati sul campo, ma esclusivamente per mezzo della riproduzione sperimentale delle variazioni che hanno avuto luogo in natura durante i periodi di speciazione.⁷⁶

4.2.3 Trasformare l'organismo

Il cambiamento di contesto, se considerato isolatamente, non esaurisce la descrizione del modo in cui alcune specie particolari divengono organismi esemplari.⁷⁷ Nel momento in cui un organismo viene portato all'interno di un laboratorio, per poter divenire un esemplare, viene sottoposto a delle pratiche di rimodellamento, pratiche che vengono effettuate in riferimento al particolare fenomeno biologico che si intende studiare.⁷⁸

Rachel Ankeny, ad esempio, mette in evidenza che, per poter studiare il sistema nervoso del *Caenorhabditis elegans*, è stato necessario sottoporlo ad un vero e proprio processo di standardizzazione che ha condotto all'eliminazione delle differenze individuali in favore di uno sistema nervoso canonico.⁷⁹ Nel caso della *Drosophila* il processo di standardizzazione conduce alla creazione di un oggetto epistemico, di un organismo esemplare, rimodellato al fine di rendere possibili, da un lato, indagini relative alla localizzazione dei geni all'interno dei cromosomi e, in secondo luogo, dei meccanismi che presiedono al loro funzionamento.⁸⁰

Più sopra è stata messa in evidenza l'importanza giocata dalla sua capacità di produrre ceppi mutanti nella scelta della *Drosophila* come organismo standard dell'indagine genetica. Questa capacità risultò essere talmente grande che, nel momento in cui i moscerini divennero oggetto di una produzione di massa e i ceppi mutanti aumentarono considerevolmente, i mezzi classici usati per la loro classificazione divennero inadeguati. Infatti, se fino alla primavera del 1910 era stato sufficiente classificare i mutanti attraverso la descrizione delle loro caratteristiche morfologiche, da quel momento in poi questo metodo non consente più una gestione dei dati

⁷⁵ Mayr (1982, pp.699-723).

⁷⁶ Si veda a riguardo Kohler (1994, p. 41). In particolare sull'importanza della svolta impressa all'indagine genetica dal lavoro sperimentale dello scienziato di origine russa, si veda sempre Kohler (1994).

⁷⁷ «La costruzione di una *Drosophila* standard non fu la conseguenza inevitabile dell'addomesticamento. Piuttosto, fu la conseguenza del coinvolgimento del ratto nelle operazioni di mappatura genetica, una modalità particolare di eredità sperimentale.» (Ivi, p. 54).

⁷⁸ Non tutti gli organismi si lasciano standardizzare facilmente allo stesso modo. Clause (1993, pp.346-7), attraverso l'esempio del *mice*, mette in evidenza il fatto che, almeno per un organismo così complesso, al contrario che per la *Drosophila*, gli scienziati si trovano di fronte a numerosissime difficoltà ogni qualvolta si pongono l'obiettivo di tentarne la standardizzazione.

⁷⁹ Si veda Ankeny (2000).

⁸⁰ Viene qui seguita la ricostruzione del processo di standardizzazione fornita da Kohler in *Lords of the Fly* (1994). Questi ritiene tuttavia che a conclusione di tale processo l'organismo modello possiede lo statuto epistemico di un «ridisegnato e ricostruito analogo vivente di altri strumenti»(1994, p. 53). Nel presente lavoro, invece, si sostiene che, a conclusione di tale processo, non ci si trova con in mano uno strumento, bensì un organismo esemplare.



efficiente ed efficace.⁸¹ Al fine di gestire e classificare i numerosi organismi mutanti, si inizia quindi ad utilizzare la tecnica della mappatura.⁸²

Attorno a questo metodo, la cui invenzione e il cui miglioramento sono dovuti in particolar modo a A. Sturtevant, si concentra la maggior parte delle energie dei ricercatori che lavorano nella stanza dei moscerini.

È interessante qui sottolineare come, nella genesi epistemica dell'organismo esemplare *Drosophila*, la tecnica della mappatura abbia giocato un ruolo essenziale. Ciò conferma infatti quanto detto sopra riguardo al fatto che gli esemplari, in quanto oggetti epistemici, nascono dall'incrocio di pratiche sperimentali, anzi che essi sono i nodi attorno ai quali tali pratiche si articolano. Allo stesso modo è importante mettere l'accento sul fatto che la necessità di utilizzare tale metodo sia stata dovuta non solo a interrogativi teorici, ma anche agli imperativi pratici della prassi sperimentale, come li definisce Kohler, originati dalla grande quantità di ceppi mutanti prodotta. Questi ultimi, infatti, vengono da allora classificati in base ai possibili *linkage groups*. Il criterio che ne consente la classificazione diviene, detto altrimenti, quello della collocazione dei geni all'interno dei cromosomi.⁸³

Il metodo della mappatura può essere considerato, in questo senso, oltre che uno strumento di classificazione, anche un modo di rappresentare e gestire quantitativamente i dati utili all'interno della prassi sperimentale del laboratorio. In assenza di una tale tecnica, probabilmente, la *Drosophila* e con essa tanti altri organismi, non sarebbe stata in grado di acquisire il valore di organismo esemplare.

Altro elemento di fondamentale importanza per la descrizione del processo di genesi epistemica degli organismi esemplari è poi il fatto che le caratteristiche importanti per la loro classificazione sono state letteralmente ricostruite fisicamente all'interno della specie *Drosophila*. Le mappe genetiche possono essere infatti considerate come veri e propri stampi per la creazione e per la riproduzione di organismi esemplari standard.

⁸¹ Con *vecchio sistema* si intende qui quello neo-mendeliano che si concentrava sull'obiettivo di individuare quanti e quali fattori sono coinvolti nella formazione delle differenti caratteristiche morfologiche di un organismo. Il criterio classificatorio che ne deriva consiste nella descrizione delle relazioni di sviluppo. Si tratta di quello che Piazza definisce come uno dei tredici segmenti cronologico-tematici in cui è possibile suddividere la storia della genetica: dal gene che si trasmette al gene che si mappa.

⁸² Alla base della possibilità di produrre mappe cromosomiche c'è la teoria cromosomica dell'eredità, elaborata tra i primi da Morgan, secondo la quale i geni sono localizzati sui cromosomi; nei cromosomi si trovano i fattori responsabili dei meccanismi dell'ereditarietà. La creazione di mappe cromosomiche costituisce un passo fondamentale della ricerca citogenetica e dell'intera genetica. La mappatura è la tecnica che consente, non solo di situare sui cromosomi determinati geni, ma anche di trovare il posto che questi ultimi occupano all'interno dei primi. L'idea originaria di tale tecnica viene fatta risalire a Sturtevant. Il suo sviluppo e la sua applicazione sono tuttavia da attribuire, con accenti diversi, a tutti coloro che hanno lavorato all'interno della *Fly room* negli anni venti e trenta del secolo scorso. La produzione di mappe divenne possibile nel momento in cui Sturtevant comprese che «le variazioni nella forza del linkage [...] offrivano la possibilità di determinare la sequenza lineare dei geni su un cromosoma». È infatti attraverso il calcolo della frequenza dei crossing-overs che risulta possibile stabilire la distanza reciproca di due o più geni all'interno dei cromosomi.

⁸³ Una delle prime tecniche utilizzate è stata quella del *back cross*, la quale fu in seguito sostituita dal *three point cross*. A riguardo si veda la particolareggiata descrizione delle due tecniche fornita da Kohler (1994).



5. Conclusioni. Verso caute valutazioni

In questo modo sono stati descritti i tratti essenziali del ruolo che gli organismi modello rivestono all'interno della ricerca biologica. Tale descrizione è stata articolata seguendo due binari: il primo di tipo statico e il secondo di ordine genetico. In entrambi i casi l'obiettivo alla base delle osservazioni qui presentate è stato quello della chiarificazione.

Dalla descrizione di tipo statico è emerso che gli organismi modello possono essere considerati come organismi esemplari.

Essi rivestono infatti il ruolo essenziale di insegnare a *fare* scienza, innanzitutto, poiché sono in grado di dare vita a pratiche epistemiche e, in secondo luogo, perché è proprio attraverso tali pratiche che essi acquistano valore e identità epistemiche. Il tipo di conoscenza in essi incorporato è quindi di tipo essenzialmente pragmatico.

Gli organismi esemplari hanno infatti valore costitutivo sia nei confronti delle pratiche sperimentali sia nei confronti delle conoscenze che possono essere raggiunte attraverso l'applicazione di tali pratiche. Questo consente loro di delimitare e delineare le possibili strade da percorrere nella ricerca e nella sperimentazione.

Infine, gli organismi esemplari possiedono la potenza euristica che viene loro quasi universalmente riconosciuta, poiché non sono modelli analoghi a ciò che deve essere spiegato, bensì, almeno agli occhi di chi ne fa uso, ciò che deve essere spiegato.⁸⁴ Essi hanno semmai natura simulativa, ma sicuramente non possiedono natura rappresentazionale e non intrattengono relazioni di tipo analogico con i fenomeni biologici che devono essere spiegati attraverso il loro studio.⁸⁵

La descrizione della genesi epistemica degli organismi esemplari inoltre ha messo in rilievo, in primo luogo, che il loro successo è motivato soprattutto dal fatto che si tratta di organismi particolarmente adatti a divenire oggetto di ricerche sperimentali e di laboratorio: «They're practical». In secondo luogo, una volta entrati all'interno dei laboratori, essi vengono sottoposti a veri e propri processi di standardizzazione. Tali processi possono essere ricondotti, primariamente, al cambiamento dell'ambiente in cui essi vivono. Le generazioni nate e vissute all'interno dei laboratori presenteranno infatti caratteristiche differenti rispetto a quelle che vivono all'esterno, nei loro habitat naturali. D'altro canto, per poter essere studiati in maniera adeguata, gli organismi esemplari vengono rimodellati. E questo provoca un ulteriore allontanamento delle loro caratteristiche biologiche da quelle degli organismi che vivono fuori dai laboratori.

Una volta chiarite, sebbene in maniera del tutto preliminare, le caratteristiche degli organismi esemplari, sarà forse possibile affrontare in maniera più adeguata gli interrogativi che

⁸⁴ Questo vale soprattutto nel caso in cui gli organismi modello vengono utilizzati al fine di spiegare fenomeni e processi biologici in generale. Se, invece, tali organismi divengono oggetto di studio per la comprensione di particolari patologie umane, il ruolo dell'analogia e della similarità nella valutazione dei risultati ricavati dal loro studio diviene di fondamentale importanza.

⁸⁵ È interessante notare come Rachel Ankeny descriva il funzionamento epistemico degli organismi modello come una sorta di simulazione primitiva. Gli organismi modello sarebbero infatti degli « organismi semplici che consentono di effettuare effettive simulazioni dei processi biologici condivisi da altri organismi » (2001, p. 255).



riguardano la rappresentatività dei risultati raggiunti attraverso il loro studio;⁸⁶ il ruolo giocato dalle considerazioni filogenetiche nella loro scelta; il peso che hanno queste considerazioni sulla validità dei risultati ottenuti attraverso il loro studio e molti altri problemi di ordine valutativo. La valutazione epistemologica di quanto emerso dalle osservazioni di ordine descrittivo non è stata e non sarà però oggetto di analisi del presente lavoro. Qui è tuttavia possibile ribadire che essa consisterà nel valutare la portata e l'ambito di legittimità, vizi e virtù sia epistemiche che epistemologiche, di quanto è stato fino a questo punto solo parzialmente chiarito.

Guido Caniglia

Bibliografia

1. Ankeny R., (2000), *Fashioning Descriptive Models in Biology: of Worms and Wiring Diagrams*, «Philosophy of Science», 67, pp. S260272-S.
2. Ankeny R., (2001), *Model Organisms as Models: Understanding the 'Lingua Franca' of the Human Genome Project*, «Philosophy of Science», 68, pp. S251-S261.
3. Ankeny R. (2007), *Model Organisms as Case-Based Reasoning*, in Creager A. N. H., Lunbeck E., Wise M. N., (a cura di) (2007), *Science without laws. Model systems, cases, exemplary narratives*, Duke University Press, pp. 46-59.
4. Bailer-Jones D., (1999), *Creative Strategies employed in Modelling a Case Study*, «Foundations of Science», 4, pp. 375-388.
5. Bailer-Jones D., (2002), *Scientists' Thoughts on scientific Models*, «Perspectives on science», 10, pp. 275-301.
6. Bailer-Jones D., (2003), *When scientific Models Represent*, «International Studies in the Philosophy of Science», 17, pp. 59-74.
7. Beatty John, (1997), *Why do Biologists argue like they do?*, «Philosophy of Science», 64, pp. S432-443.
8. Bolker J., (1995), *Model Systems in developmental Biology*, in «Bio-Essays», 17(5), pp. 451-455.
9. Bolker J., Raff R., (1997), *Development Commentary beyond Worms, Flies, and Mice: it is Time to widen the Scope of developmental Biology*, «Journal of NIH Research», 9, pp. 35-9.
10. Buiatti M., (2001), *Lo stato vivente della materia*, Utet Torino.
11. Buiatti M., (2005), *Il benevolo disordine della vita*, Utet Torino.
12. Burian R., (1993), *How the Choice of experimental Systems matters: epistemological Reflections on an Aspect of biological Practice*, «Journal of the History of Biology», 26, pp. 351-367.

⁸⁶ Bolker, a riguardo, ritiene che «I problemi sorgono quando si sostiene che un modello semplice (*simple model*) rappresenti una comprensione completa del processo in questione.» La pericolosità di sopravvalutare la rappresentatività dei risultati ottenuti attraverso il *Simple System Approach* consiste nel fatto che, attraverso di esso, si rischia di arrivare ad una comprensione errata, poiché eccessivamente concentrata su poche specie, dei fenomeni biologici e dei processi che devono essere studiati.



13. Carlson E. A., (1974), *The Drosophila Group: the Transition from the mendelian Unit to the individual Gene*, «Journal of the History of Biology», 7, pp.31-48.
14. Carlson E.A. (1966), *The Gene: A Critical History*, W.B. Saunders Company, Philadelphia and London.
15. Cartwright N., (1999), *The dappled World. A Study of the Bundaries of Science*, Cambridge University Press.
16. Casamonti M., (1999), *Kuhn, Polanyi e Wittgenstein sul significato: esemplari, conoscenza tacita e giochi linguistici*, «Rivista di Storia della Filosofia», 2, pp. 283-308.
17. Chadaverian S. de, Hopwood N, (a cura di)(2004), *Models. The third Dimention of Science*, Stanford University Press.
18. Chadaverian S., (1998), *Of Worms and Programs: Caenorhabditis Elegans and the Study of Development*, «Studies in the History and Philosophy of Science».
19. Churchill F.B., (1997), *Life before Model Systems. General Zoology at August Weisman's Institute*, «American Zoologist», 37, pp.260-268.
20. Clarke A. E., Fujimura J., (1992) *The wright Tools for the Job: a work in 20th Century Life Sciences*, Princeton University Press.
21. Clause B., (1993), *The Wistar Rat as a right Choice: establishing mammalian Standards and the ideal of Standardization in Mammals*, «Journal of the History of Biology», 26, pp.329-349.
22. Cooper G. J., (1996) *Theoretical Modeling and biological Laws*, «Philosophy of Science», 63, pp. S28-35.
23. Creager A. N. H., Lunbeck E., Wise M. N. (a cura di) (2007), *Science without laws. Model systems, cases, exemplary narratives*, Duke University Press.
24. Creager A.N.H., (2002), *The Life of a Virus: Tobacco Mosaic Virus, an experimental Model (1930-1965)*, Chicago University Press.
25. Daston L. (a cura di), (2004), *Things that Talk: object lessons from art and science*, Zone, New York.
26. Fantini B. (1979), *La genetica classica*, Loescher.
27. Forrester J., (1996), *If p then What? Thinking in Cases*, «History of the human Sciences», 9, pp. 1-25.
28. Fox Keller E., (2000), *Models of and Models for: Theory and Practice in Contemporary Biology*, «Philosophy of Science», 67, pp. S 72-86.
29. Fox Keller E., (2000), *The Century of the Gene*, Cambridge University Press.
30. Franklin A., (1986), *The Neglect of Experiment*, Cambridge University Press.
31. Gagliasso E., (2001) *Verso un'epistemologia del mondo vivente*, Guerini, Milano.
32. Galison P. (1987), *How esperiments end*, Chicago University Press.
33. Gest H., (1995), *Arabidopsis to Zebrafish: a commentary on 'Rosetta Stone' Model Systems in biological Sciences*, «Perspectives in Biology and Medicine», 39, pp.77-85.
34. Giere R. N. (1988), *Explaining Science. A Cognitive Approach*, University of Chicago Press.
35. Giere R. N. (1999), *Science without laws*, University of Chicago Press.
36. Griesemer J. R., (1990), *Material Models in Biology*, PSA, 2, pp. 79-93.



37. Harwood J., (1993), *Styles of scientific Thought. The German Genetics Community, 1900-1933*, University of Chicago Press.
38. Holmes F.L., (1993), *The old Martyr of Science: the Frog in experimental Physiology*, «Journal of the History of Biology», 26, pp.311-328.
39. Hubbard E. J. A. (2007), *Model Organisms as Powerful Tools for Biomedical Research*, in Creager A. N. H., Lunbeck E., Wise M. N. (a cura di) (2007), *Science without laws. Model systems, cases, exemplary narratives*, Duke University Press, pp. 59-73.
40. Husserl E., (1950), *Ideen zu einer reinen Phänomenologie und Phänomenologischen Philosophie*, I (1913). Erstes Buch: *Allgemeine Einführung in die reine Phänomenologie*, Husserliana III/1, Nijhoff, Den Haag; trad. it. a cura di Filippini E., *Idee per una fenomenologia pura e per una filosofia fenomenologica*. Libro primo: *Introduzione generale alla fenomenologia pura*, Einaudi, Torino, 1965.
41. Husserl E. (1952), *Ideen zu einer reinen Phänomenologie und Phänomenologischen Philosophie*. Zweites Buch: *Phänomenologische Untersuchungen zur Konstitution*, Husserliana IV, Nijhoff, Den Haag; trad. it. a cura di Costa V., *Idee per una fenomenologia pura e per una filosofia fenomenologica*. Libro secondo: *Ricerche fenomenologiche sopra la costituzione*, Einaudi, Torino 2002.
42. Husserl (1952) *Ideen zu einer reinen Phänomenologie und Phänomenologischen Philosophie*. Drittes Buch: *Die Phänomenologie und die Fundamenten der Wissenschaften*, Husserliana V, Nijhoff, Den Haag; trad. it. a cura di Costa V., Libro terzo: *La fenomenologia e i fondamenti delle scienze*, Einaudi, Torino 2002.
43. Husserl E. (1959) *Die Krisis der europäischen Wissenschaften und die Transzendentalen Phänomenologie. Eine Einleitung in die Transzendentalen Phänomenologie*. Husserliana VI, Nijhoff, Den Haag; trad. it. a cura di Filippini E., *La crisi delle scienze europee e la fenomenologia trascendentale*, Il Saggiatore, Milano 2004.
44. Jacob F. (1998), *Il topo, la mosca e l'uomo*, Bollati Boringhieri.
45. Keller A. (2007), *Drosophila melanogaster's Story as human commensal*, in «Current Biology», 17, pp. R77-81,
46. Kellog E. A., Shaffer H. B., (1993), *Model Organisms in Evolutionary Studies*, «Systematic Biology», 42", pp. 409-414.
47. Kohler R., (1991), *Drosophila and evolutionary Genetics*, in «History of Science», 29, pp. 335-375.
48. Kohler R., (1991), *Drosophila: a Life in the Lab*, «Journal of the History of Biology», 22, pp. 87-130.
49. Kohler R., (1991), *Systems of Production: Drosophila, Neurospora and biochemical Genetics*, «Historical Studies in the Physical and the Biological Sciences», 22, pp. 87-130.
50. Kohler R., (1994), *Lords of the Fly. Drosophila genetics and the experimental Life*, University of Chicago Press.
51. Kohler R., (2002), *Landscapes and Labscapes. Exploring the Lab-Field Border Biology*, University of Chicago Press.



52. Krebs H. A., (1975), *The August Krogh Principle: for many Problems there is an Animal on which they can be most conveniently studied*, «Journal of experimental Zoology», 194, pp. 221-226.
53. Krogh A., (1929), *The Process of Physiology*, «America Journal of Physiology», 90, pp. 243-251.
54. Kuhn T. S., (1961) *The Function of Measurement in Modern Physical Science*, «Isis», 52, pp.161–193.
55. Kuhn T. S., (1962) [The Structure of Scientific Revolutions](#). University of Chicago Press, Chicago.
56. Kuhn T. S., (1963) *The Function of Dogma in Scientific Research*, in A. C. Crombie (toim.): *Scientific Change* (Symposium on the History of Science, University of Oxford, 9–15 July 1961). New York and London: Basic Books and Heineman, pp. 347–69.
57. Kuhn T. S., (1977) *The Essential Tension: Selected Studies in Scientific Tradition and Change*. Chicago and London: University of Chicago Press.
58. Lanfredini R., (2000), *Da una teoria della scienza a una teoria della conoscenza: l'ultimo Kuhn*, in C. Sinigaglia, R. Lanfredini, G. Irzik, *Corrado Sinigaglia, Roberta Lanfredini, Gürol Irzik discutono Dogma contro critica, di Thomas S. Kuhn*, «Iride», 31, pp. 631-636.
59. Latour B., (1979), *Laboratory Life*, Sage Publications, Beverly Hills.
60. Lewontin R., (2001), *Gene, Organism and Environment: A New Introduction, Cycles of Contingency, by Oyama, Griffiths and Gray*, pp. 55-58.
61. Lewontin R., (2001b), *Gene, Organism and Environment*, in *Cycles of Contingency, by Oyama, Griffiths and Gray*, pp. 59-66.
62. Magnani L., Nersessian N.J., Thaggard P., (1999), *Model based reasoning in scientific Discovery*, Kluwer Academic Press.
63. Morgan M., Morrison M., (1999), *Models as Mediators: Perspectives on Natural and Social Sciences*, Cambridge University Press, Cambridge.
64. Morgan T. H., (1932), *The scientific Basis of Evolution*, Norton, New York.
65. Morgan T.H., (1911), *An Attempt to analyse the Constitution of the Chromosomes and the Basis of sex-linked Inheritance in Drosophila*, «Journal of experimental Zoology», 11, pp. 365-414.
66. Morrison M., (1998), *Modelling nature: between Physics and physical World*, 35, «Philosophia Naturalis», pp. 65-85.
67. Radder H., (2003), *The Philosophy of Scientific Experimentation*, Pittsburgh University Press.
68. Rheinberger H. J., (1992), *Experiment. Differenz, Schrift: zur Geschichte epistemischen Dingen*, Basiliskenpreis, Margburg.
69. Rheinberger H. J., (1997), *Toward an History of epistemic Things*, Standford University Press.
70. Rubin G.M., (1988), *Drosophila melanogaster as an experiemental organism*, Science, 240, pp. 1453-1459.
71. Schaffner K., (1986), *Exemplar Reasoning about biological Models and Deseases*, «The Journal of Medicine and Philosophy», 11, pp. 63-80.



72. Schaffner K., (1998), *Genes, Behaviour and Development Emergentism: one Process indivisible*, «Philosophy of Science», 65, pp. 209-252.
73. Sidow A., Kelly T., (1994), *A molecular evolutionary Framework for eucharotic Model Organisms*, «Current Biology», 4, pp. 596-603.
74. Stengers I., (1987) *La propagation de concepts*, in Stengers I. *D'une science a l'autre: de concepts nomades*, Paris, pp. 9-26.
75. Sterrett S., (2002), *Physiscal models and fundamental Laws: Using one Piece of the World to tell about another*, «Mind and Society», 5, vol.3, pp. 51-66.
76. Sturtevant A.H., (1913), *The linear arrangement of six sex-linked Factors in Drosophila , as shown by their Mode of Association*, «Journal of experimental Zoology», 14, pp. 43-59.
77. The Scientist (2003), 17, (Sup. 1), S 5.
78. Weber M. (2007), *Redesigning the Fruit Fly: the Molecularization of Drosophila*, in Creager A. N. H., Lunbeck E., Wise M. N. (a cura di) (2007), *Science without Laws. Model Systems, Cases, Exemplary Narratives*, Duke University Press, pp. 23-46.
79. Wartofsky M., (1979), *Models: Representation and Scientific Understanding*, Reidel, Dordrecht.
80. Wimsatt W., (1998), *Simple Systems and Philogenetic Diversity*, «Philosophy of Science», 65, pp. 267-275.
81. Woodward J., (1989), *Data and Phenomena*, «Synthese», 79, pp. 393-472.

Alcune riflessioni attorno alla dimensione sociale e politica delle scienze del vivente

Flavio D'Abramo

flavio.dabramo@gmail.com

Abstract

In this paper I take into account science and technology as subjected to socio-economical and cultural dynamics. Then I show some cases, such as the genocentric point of view and the neo darwinistic one, where techno-science is mainly a profit-oriented and ideological research. I argue the importance of science in a broad sense: as social and public activity, useful in linking disciplines. In this way, science can be used to constrain and criticize techno-science. For instance, epistemology can supply the boundaries of prediction and explanation models; also evolutionism and epidemiology, together, can be used to point out the importance of policy making in dealing with climate change and public health.

Keywords: Sociology of Science, Science and Technology Studies, Genetic Reductionism, Climate Change, Reductionism, Complexity, Policy Making, Interdisciplinary Character of Science.

Introduzione

In questo articolo vorrei tracciare alcune linee epistemologiche e di carattere socio/ecologico intorno ad alcune scienze del vivente. Analizzerò alcuni casi particolari di “scienze della vita” come ambiti disciplinari in cui viene prodotta cultura. Vorrei mostrare poi come alcuni di questi ambiti (in particolar modo tutti quegli ambiti basati sulla biologia o che comprendono o sono compresi in domini biologici e biotecnologici), oltre ad essere determinati da contesti culturali, storici e materiali, sono anche motivi attivi di questo processo, dunque essi stessi produttori di contesti culturali, storici e sociali.

La produzione scientifica e tecnologica si avvale in maniera costitutiva del metodo riduzionistico. Il metodo riduzionistico è tuttavia solo una parte del procedimento scientifico, infatti una valutazione culturale, sociale e storica della scienza mostra come la produzione teorica e sperimentale sia solo una parte di un processo molto più ampio, in cui sono coinvolti cittadini, istituzioni e costituzioni.

In questo articolo voglio dunque mostrare come la scienza, in particolar modo le scienze della vita, sono alla base delle linee programmatiche di qualsiasi pianificazione sociale e culturale, proprio in quanto discipline in cui vengono prese in considerazione le modalità di interazione tra processi culturali e processi naturali, processi immateriali e oggetti materiali. Vorrei inoltre mostrare come una scienza prettamente riduzionistica sia prerogativa di una visione non integrata della scienza. In questo tipo di scienza la relazione cittadini/istituzioni scientifiche



viene persa. Ciò a cui si assiste è dunque un'asimmetria in cui la tecnoscienza diviene strumento di controllo e "legittimazione" politica.

Dalla ritualità alla scienza e viceversa

La religione è una delle istituzioni che ha organizzato in maniera più scientifica gli aspetti emotivi della vita sociale degli individui. Ciò è stato possibile grazie alla contestualizzazione e la codificazione, durante i millenni, di fenomeni come quelli dell'imitazione, del rito, dell'arte, del gioco o di quelli che sono stati comunemente definiti meta-messaggi [Bateson 1977]. I meta-messaggi che regolano gli aspetti più emotivi delle fasi della vita di ciascuno, sono fondamentali per la possibilità stessa di rimanere in vita, almeno in contesti così detti evolutivistici. Il gioco ad esempio, permette l'apprendimento di codificazioni culturali e sociali, codificazioni spesso comunicate anche attraverso l'arte, dunque la condivisione di fenomeni estetici o attraverso la partecipazione a fenomeni rituali. Nella storia occidentale oltre alla religione, altre grandi istituzioni hanno costituito importanti contesti di organizzazione sociale. La religione non è dunque l'unica istituzione ad occuparsi di ciò; accanto ad essa esistono istituzioni scientifiche altrettanto importanti, la medicina ad esempio, le istituzioni accademiche, le tradizioni culturali, le istituzioni economiche, solo per citarne alcune. Tutti questi ambiti si permeano, così che sarà possibile individuare istituti economici all'interno delle organizzazioni religiose; allo stesso modo istituzioni e codificazioni religiose sono spesso presenti all'interno delle istituzioni scientifiche o accademiche. In tutti questi ambiti del sapere sono presenti caratteri rituali.

Grazie alle esperienze coloniali gli aspetti rituali sono stati resi tema di analisi nell'antropologia degli ultimi decenni. L'approccio antropologico si rivela efficace ai fini dell'analisi di istituzioni che assumono velocemente nuovi connotati, rendendo possibile uno sguardo 'esterno' ai contesti costitutivi delle nostre società, così come, ad esempio, è la scienza.

Grazie alla rivoluzione copernicana e poi a quella darwiniana, la scienza assume un ruolo che occupa ambiti sociali sempre più ampi, e al cui interno vengono affrontate tematiche come quelle della morte, della vita, della guarigione o della malattia, un processo di secolarizzazione. Con Darwin ci si chiede in maniera diffusa da dove veniamo e dove stiamo andando. Con *l'Origine delle specie* [1859] si assiste al preludio della trattazione scientifica di importanti interrogativi, prima affrontati dalla religione, e prima ancora vissuti in contesti rituali. Con *l'Origine delle specie* si iniziano ad immaginare le possibili strade che ci hanno condotto fin ad oggi: quella che viene comunemente definita l'evoluzione o coevoluzione degli organismi viventi. Proprio con questi studi si è dunque iniziato a pensare alle modalità di interazione tra i diversi organismi e tra gli organismi e l'ambiente, tutte modalità che sono costitutive del mondo in cui viviamo. L'idea di un mondo costituito dall'uomo stesso, un essere umano dunque responsabile del proprio mondo, responsabile dalle relazioni instaurate con gli altri umani e con le altre specie viventi, ha cessato di essere tale a partire dallo sviluppo delle grandi religioni monoteistiche, in cui a creare il mondo non è più l'uomo, ma Dio. Abbiamo così iniziato a perdere responsabilità delle nostre azioni, ovvero a dimenticare le implicazioni che ciascuna nostra azione ha sul contesto circostante. I riti hanno iniziato progressivamente a



perdere il loro ruolo, ovvero quello di contestualizzare accadimenti della vita di ciascuno a momenti e luoghi particolari e di legare all'interno della pratica rituale diversi aspetti della vita di ciascuno. Il canto del lutto lega l'esperienza della perdita dei propri cari a dei momenti e a dei luoghi particolari. Il canto del lavoro lega il lavoratore, alla terra che lavora e alla stagione in cui viene lavorata e così via [Limentani 2009].

Come già accennato sopra, la consapevolezza della ritualità è tornata all'attenzione con le esperienze coloniali, in cui quelli che sarebbero diventati grandi antropologi, partivano dalla Francia per le terre d'Africa come militari o dall'Inghilterra e dall'Olanda insieme a spedizioni militari o missioni culturali. La consapevolezza di un'economia della natura, in senso lato, è emersa anche grazie a spedizioni cartografiche utili soprattutto ai fini commerciali, economici appunto. L'esperienza di Darwin sul Beagle rientra proprio in questo caso.

La Contingenza della Scienza

A ben guardare, il lavoro di grandi scienziati come Darwin o Lévy-Strauss, hanno rivoluzionato le relative discipline e contengono parti più o meno assertive. Gli ultimi lavori dell'opera di Darwin sono di grande valore etico e sociale e mal si coniugano con aree scientifiche e linee di ricerca assertive come quella neo-darwiniana. Gli autori più "illuminati" riducono l'aspetto assertivo delle scienze empiriche; tendono piuttosto ad evidenziare il carattere indeterministico e incerto dei modelli esplicativi e causali utilizzati nelle scienze – al riguardo si veda Henri Poincaré sul problema dei tre corpi [1905], o si leggano i lavori di Darwin, in cui problemi e difficoltà teoriche sono enunciati in maniera chiara e diffusa. Esempi di assertività sono espliciti nell'attuale neo-darwinismo, che nella vulgata viene accomunato al darwinismo, *tout-court*, e che predica l'ineluttabilità del destino di ciascun individuo, perché iscritto nel codice della vita, nelle così dette basi nucleotidiche codificanti del genoma umano [Lewontin 1993, Gould 1991].

La così detta oggettività, che sovente viene posta a sostegno dell'assertività scientifica, ha connotazioni tanto differenti quanto differenti sono i contesti in cui sorge. Nel XVII secolo il concetto di oggettività era sinonimo di condivisione e convivialità, mentre quello di soggettività indicava individualità e solitudine [Shapin 1991]. Durante l'illuminismo, l'esperienza scientifica era possibile grazie a corrispondenze epistolari di carattere amichevole, così come avveniva nella Repubblica delle Lettere, a cui parteciparono autori come Mersenne o Descartes e in cui il tono delle conversazioni era il più delle volte personale e intimo [Daston 1992]. Oggi il carattere oggettivo delle pubblicazioni scientifiche viene piuttosto garantito attraverso l'anonimità delle revisioni, dei commenti e, in generale, delle corrispondenze. Si pensi alle *peer review*. Altrettanto importante ai fini del raggiungimento dell'oggettività scientifica è la produzione di immagini che rappresentano o esemplificano i fenomeni analizzati. Nel Seicento Vesalio unì lo studio dei corpi umani all'arte pittorica, dando origine alla moderna anatomia [Gagliasso 2007]. Altrettanto importanti furono i moderni microscopi e telescopi, per giungere a strumenti ben più articolati, come i radiotelescopi, o tutti gli apparati materiali e teorici utili all'osservazione dello spettro elettro-magnetico degli oggetti che compongono la materia, sia essa inanimata che vivente.



Durante il Novecento all'interno del paradigma neo-darwinista, attraverso la produzione di immagini, quelle prodotte da Rosalind Franklin con l'uso dei raggi x, ad esempio, e grazie alle quali venne scoperta la struttura del DNA [de Chadarevian 2007], nasce la biologia molecolare, uno degli ambiti che più si prestano a una riduzione ontologica dei fenomeni biologici, soprattutto a partire dall'impresa economico/scientifica di Watson e Crick [Commoner 2005]. L'idea di un codice da decifrare, contenuto su di un nastro a doppia elica che ciascuna cellula vivente contiene al proprio interno, oltre che dagli strumenti della spettroscopia e della cristallografia, proviene soprattutto dall'uso degli strumenti della crittografia, utilizzati in ambito militare [Kay 2000]. Questo impianto è spesso utilizzato da sociobiologi e biologi che usano ipotesi ontologiche di carattere riduzionistico per giustificare l'apparente carattere deterministico e ineludibile della natura umana, estromettendo qualsiasi analisi dell'influenza che l'organizzazione sociale ha sulla stessa natura biologica. Attraverso questo impianto sono state spesso giustificate la struttura sociale, la divisione del lavoro, le possibilità e i limiti intellettuali di ciascun individuo, escamotage "teorico" che giustifica le migliori sorti di un gruppo sociale rispetto ad un altro [Lewontin 1993], fino ad arrivare alla suddivisione della specie e delle razze, secondo gradi di perfezione. L'idea di una *Scala Naturae*, oltre ad essere eredità di molte cosmogonie e immagini religiose [Barsanti 2005], ha preso consistenza in biologia attraverso una parte della biologia idealistica tedesca, quella di Ernst Haeckel, di Lorenz Oken e di Johannes Friederich Meckel [Canguilhem 1963, 2006, Gould 1977, Canadelli 2004, Di Bartolo 2004].

Questo impianto deterministico appare particolarmente paradossale, oggi più che mai, perché sappiamo più di prima – prima che terminasse la grande impresa di mappatura del Genoma Umano – di sapere di non sapere qual è il funzionamento di questa misteriosa parte del nostro corpo [Gagliasso 2006, Keller 2001].

Una scienza così poco condivisa e così poco radicata nella volontà popolare e che, strutturando le attuali società, persuade e controlla l'opinione pubblica, ha iniziato ad essere indagata attraverso quelli che sono gli strumenti dell'antropologia – o etnografia – e quelli forniti dalla sociologia [Latour 1987]. Tentando di chiarire quali sono i legami tra scienza e società, strumenti come quelli antropologici, sociologici, filosofici e storici, si rivelano dunque ottimi strumenti di mediazione per portare la propria esperienza di vita – ovvero la percezione che ciascuno di noi ha della dimensione normativa prodotta dalla biologia, la così detta biopolitica, o anche e più semplicemente della produzione tecnologica in rapporto a consumi e bisogni – all'interno di una dimensione più teorica o, ancora oltre, all'interno della dimensione civica. Da alcune delle attuali scuole francesi provengono gran parte di questi strumenti di indagine. Ricerche che vanno in queste direzioni si stanno delineando nelle università del nord Italia, in quelle francesi, svizzere, tedesche, olandesi e inglesi, proprio dove ci sono sacche culturali in cui è presente la consapevolezza di quanto la tecnologia stia diventando prerogativa monopolizzante della cultura umana, cambiando completamente gli scenari terrestri. Proprio dove sono innescate le derive della razionalità tecnologica che determinano le improvvise e spesso nefaste virate della produzione tecnologica, culturale e materiale, si comprende che l'analisi di tali modalità di produzione è costitutiva della possibilità di riflettere sul ruolo svolto



dalla tecnica e dalla scienza all'interno dei grandi cambiamenti sociali ed ecologici che stiamo attraversando.

Nell'ultimo secolo la scienza è stata utilizzata fundamentalmente per applicazioni tecnologiche e ricerca industriale tanto che si potrebbero identificare i due termini, visto che in questi casi senza tecnica non si dà scienza. Ma sarebbe un'identificazione fuorviante perchè la scienza accademica, al contrario dalla tecnoscienza, non costituisce un elemento essenziale per lo sviluppo economico [Ziman 2000]. Spesso la tecnica ha prodotto pratiche, come quella dell'estrazione petrolifera o dello sfruttamento dell'energia nucleare, che hanno dimenticato ambiti scientifici come quelli emersi dall'interazione tra ecologia, geologia e storia evolutiva delle specie. In casi come questo scienza e tecnica costituiscono ambiti opposti ed esclusivi. Mantenendo la distinzione tra scienza e tecnica, si può asserire che il lato più applicativo e dunque tecnologico trascina con se le ricerche più teoriche. La biologia non è affatto esente da queste dinamiche, anzi, oggi è uno degli ambiti più soggetti ad influenze economiche, tecnologiche e strategiche. Ad esempio, quelle che erano state le ricerche accademiche e sperimentali di Lynn Margulis sulla cooperazione tra forme di vita, e che hanno rivoluzionato l'attuale biologia cellulare [Margulis 1998], oggi iniziano ad essere massicciamente finanziate da ricche società americane all'interno del *human microbiome project*, per essere usate in maniera sia strategica che commerciale.

Quando la ricerca è guidata soprattutto da intenti economici e di profitto, come accade nell'area R&D, ad essere abbandonati sono i motivi che caratterizzano la ricerca accademica, ad esempio l'utilità pubblica. È sempre più frequente che in luoghi accademici siano sviluppate ricerche di utilità non pubblica, ma privata, industriale ad esempio. In questo contesto, definito di scienza post-accademica [Ziman 2000], sono stati generati meccanismi che perpetuano gli interessi privati. Ad esempio, la possibilità che i ricercatori modifichino il tiro dell'indagine per iniziare ricerche di ampio respiro, che non diano effetti velocemente sfruttabili in applicazioni (attraverso brevetti e *spin off*), sono molto basse. I ricercatori e gli scienziati, prima ancora di essere intellettuali, accademici o artigiani, sono dei lavoratori. Se chi investe capitali per la ricerca, sviluppa anche le relative tecnologie per operare le osservazioni scientifiche, ad esempio le tecnologie usate per osservare i polimorfismi su singoli nucleotidi (SNP), allora le ricerche successive dovranno essere necessariamente legate a quella tecnologia. Nella realtà dei fatti, i gruppi che investono in ricerca, oltre a sviluppare le tecnologie con cui si fa la ricerca, controllano anche le maggiori riviste scientifiche. La valutazione professionale dei ricercatori, il più delle volte viene attestata dal numero delle pubblicazioni e dall'*impact factor* delle riviste che ospitano gli articoli. Dunque in maniera indiretta i grandi gruppi di investimento controllano gran parte del reclutamento professionale dei laboratori di istituzioni pubbliche e private. Il così detto *publication bias* riguarda proprio l'incapacità dei ricercatori di sottrarsi dalle tendenze economiche dettate dalla produzione tecnologica. Molto spesso il modo migliore che un ricercatore ha di assicurarsi il suo posto di lavoro è quello di utilizzare la tecnologia dominante, così da far sì che il proprio articolo venga pubblicato nelle riviste più importanti ovvero quelle legate ai gruppi che gestiscono i grandi capitali finanziari; un altro modo è quello di utilizzare un approccio riduzionistico di tipo ontologico, l'ipotesi del genoma come centro direzionale dello sviluppo corporeo, ad esempio, così da poter fornire la base "scientifica" per la produzione di tecniche farmacogenomiche. In un approccio riduzionistico di



questo tipo viene prediletta l'impostazione molecolare, e si definisce pure una gerarchia disciplinare, al cui vertice sono solitamente poste le scienze più formalizzabili, che divengono strumento di prevenzione e controllo per tutte le altre.

Una scienza medico/biologica basata sulla prevenzione, che indaga ad esempio la dieta, l'inquinamento ambientale, dunque le sostanze cancerogene presenti nell'ambiente, lo stato psicologico, la storia patologica e genetica dell'individuo, delle famiglie, delle popolazioni, le migrazioni e dunque il relativo cambiamento ecologico, che indaga i cambiamenti climatici e i relativi effetti ecologici, è una medicina completamente differente da una medicina prevalentemente curativa e meccanicistica. Una scienza di carattere preventivo coinvolge una consapevolezza di come i diversi livelli sono collegati tra loro, così come implica pure la consapevolezza di quello che è il carattere di incertezza che la scienza illuminata porta con se, che deriva sia dall'impostazione darwiniana, che da certi ambiti in cui sono emerse le attuali teorie della complessità. Il carattere incerto dei modelli complessi deriva da limiti epistemologici, di tipo cognitivo e strumentale. Per questo tipo di modelli non sono possibili soluzioni analitiche [D'Abramo 2008], e il carattere incerto delle spiegazioni e delle predizioni è una connotazione implicita nella stessa complessità del modello. Una medicina di tipo preventivo è riduzionistica in senso diverso da come lo è quella farmacologia. Nella ricerca farmacologica dietro al metodo riduzionistico si cela l'intento di continuare a separare i diversi livelli del discorso scientifico.

Studi delle Scienze

Tutti questi temi cominciano ad essere affrontati in quelli che vengono definiti *Science and Technology Studies* (STS). In questi studi sono coinvolte molte "categorie" tra cui storici, filosofi, scienziati, sociologici, politici, antropologi; vengono inoltre messe in luce le caratteristiche più contingenti del lavoro scientifico. Il lavoro dello scienziato viene inteso dunque nel senso di pratica scientifica, e l'unicità di un solo modello viene a cadere per essere sostituita da una pluralità di approcci [Leonelli 2006]. Con il passaggio dalla fisica alla biologia affiora l'uso di un *patchwork* di modelli differenti [Cartwright 1999] e anche un'importanza sociale e delle implicazioni derivanti dalla pratica scientifica ben più ampie delle precedenti.

L'idea è che ci sia bisogno di un progetto a lunga scadenza con cui affrontare problemi che sono ben più ampi di quelli che si prefiggono di risolvere le grandi multinazionali o le grandi fondazioni; questo progetto può essere innescato dalla società civile, dal senso civico e dall'impegno sociale che ne scaturisce. Le attuali epidemie non possono essere affrontate solo attraverso l'uso dei farmaci, ne l'uso dei farmaci deve continuare ad essere l'unico e possibile metodo di cura. Gli attuali cambiamenti climatici stanno stravolgendo anche la salute umana. Ad esempio l'innalzamento causato dallo scioglimento dei ghiacci provoca l'infiltrazione del sale nelle falde acquifere. La popolazione che si disseta con l'acqua contenuta in quelle falde sviluppa ipertensione e molte patologie legate all'ipertensione, che ad esempio determinano problemi alle donne in cinta. Questo è il caso del Bangladesh [Aneire Vineis 2008]. Dunque l'uso della tecnica determina cambiamenti ecologici, che a loro volta determinano un'accelerazione dei cambiamenti biologici. Per far fronte a questa catena causale si possono



usare diverse modalità di intervento. Si possono utilizzare strategie con cui tornare all'uso della tecnica o con cui considera l'agire umano e i relativi contesti sociali, politici, economici, culturali, come causa determinante della forma che assume il mondo. Problemi come quelli del Bangladesh possono essere affrontati in diversi modi, con l'uso di farmaci per l'ipertensione, ad esempio, o adottando politiche per bloccare il riscaldamento globale. Naturalmente sono modi di affrontare il problema ben diversi e che necessitano di strategie ben differenti. Gran parte delle epidemie possono essere affrontate con *policy* di carattere sociale. Quando grandi società private e multinazionali contrastano e fanno lobbying su organi istituzionali come il Parlamento Europeo o i singoli parlamenti nazionali, al posto delle politiche preventive, vengono attivate quelle fornite dalle case farmaceutiche e dalle grandi società multinazionali. Nella gran parte di questi casi un'efficace soluzione del problema andrebbe contro gli stessi profitti della casa farmaceutica. In un caso le risorse pubbliche vengono investiti soprattutto per ricerche scientifiche utili a produzioni tecnologiche (i farmaci), mentre nell'altro, quello della prevenzione, le risorse pubbliche sarebbero ripartite tra ambiti come quello dell'educazione, della ricerca e dell'informazione. In un caso, quello in cui le case farmaceutiche determinano le linee di ricerca, una grande corporazione, quella dei produttori di medicinali, si erge a difesa della salute pubblica. Nell'altro caso, quello in cui la prevenzione viene posta in cima alle priorità, l'insieme dei cittadini e delle istituzioni si mobilitano per far fronte a problemi come quelli della salute pubblica, con particolar interesse a proteggere il bene pubblico dagli interessi privati, che sempre più spesso vanno a modificare occultamente quelli collettivi. Di casi come quelli del Bangladesh, dove un cambiamento ecologico dell'ambiente causa una malattia, ce ne sono moltissimi, ad esempio quelli legati all'introduzione nell'atmosfera di idrocarburi policiclici aromatici (PAH), di materiali radioattivi, di nanoparticelle. Naturalmente possono anche verificarsi casi di malattie monogenetiche, in cui il genoma può ricoprire, in una parte della ricerca, un ruolo principale e dove il fattore ambientale svolge un ruolo minore, l'anemia falciforme ad esempio. In quest'ultimo caso un'analisi di tipo riduzionistico potrebbe funzionare, così come potrebbe comunque condurre lontano dalla soluzione del problema. La fenilchetonuria è l'esempio di patologia in cui una causa ambientale di tipo alimentare, l'aspartame, può creare deficienza nel bambino che cresce nel grembo della madre che ne usufruisce [Rosoff Rosenberg 2006]. Il bambino che crescerà e diventerà adulto ha deficit cognitivi poiché non riesce ad assorbire un particolare aminoacido, la fenilalanina. Questa deficienza è osservabile al livello dell'espressione genetica. Questa deficienza può dunque essere curata almeno in due modi, o attraverso l'adozione di una particolare dieta, dopo che la patologia ha già sviluppato le sue dinamiche, oppure attraverso l'eliminazione dell'aspartame da dolcificanti o chewing gum. Una soluzione incentrata sull'esclusione del contesto è una scienza gravemente riduzionistica, un riduzionismo ontologico, e che dimentica la sua potenzialità rituale, ovvero che dimentica quelle pratiche che connettono i diversi livelli tra loro e che rendono possibile la vita culturale e biologica. Attraverso soluzioni farmacologiche del genere si impongono soluzioni tecnologiche per problemi causati dalla stessa produzione tecnologica [Ziman 2008], in questo caso dalla catena di montaggio dell'industria alimentare. La produzione e la cultura tecnologica risulta così essere come un anello da cui è impossibile separarsi.



Negli ultimi decenni si assiste sempre più a “soluzioni” di questi problemi che mettono in risalto l’importanza economica più che sociale ed ecologica. Uno dei pregi dell’approccio multidisciplinare è proprio quello di legittimare le persone, i cittadini, dunque di restituire a chi utilizza un tale metodo l’importanza di connettere tra loro i vari livelli, dunque di rivivere di nuovo il carattere rituale. Per dirla con Bruno Latour, non più esperti che producono verità, ma cittadini, lavoratori e scienziati che valutano rischi ed incertezze [Latour 2008]. Per attuare una scienza del genere è necessario prima ancora un senso civico.

Quale ruolo per l’etica?

Una scienza del genere non è una scienza rivoluzionaria, perché già esiste, anche se non trova l’eco mediatico della scienza radicata nelle ragioni commerciali; si colloca piuttosto nelle tradizioni culturali, politiche, alimentari, abitative o di migrazione, e nell’importanza di vivere in maniera espressiva i lati simbolici che caratterizzano ciascuno e che vengono solitamente espressi attraverso il linguaggio verbale o corporeo [Jablonka Lamb 2007]. Proprio attraverso tale espressività si acquisisce consapevolezza di quanto il lato simbolico e immateriale sia radicato in quello materiale. Attraverso il lato simbolico si capisce quanto la natura e la cultura siano parte di uno stesso processo. Tuttavia nell’intrigo delle istituzioni culturali e scientifiche ciò non è sufficiente, perché gli attuali processi di globalizzazione stanno spazzando via quelli che sono i lati tradizionali in cui vengono conservate antiche tradizioni e usanze, forme di un sapere sviluppato attraverso le relazioni tra i popoli e le relazioni con i territori e gli ambienti circostanti. Queste antiche forme di sapere sono in crisi proprio a causa della sempre più veloce trasformazione dell’ambiente circostante, trasformazione che prende luogo anche grazie ai processi tecnologici.

Come si inserisce in ciò il discorso bioetico non è affatto scontato, proprio perché uno dei primi ambiti in cui è sorta la bioetica è quello teologico. In alcuni paesi, lì dove si sono formate le più grandi istituzioni religiose, l’ambito teologico è sovente contrapposto a quello della società civile, soprattutto quando nella società è in atto un processo di secolarizzazione che sottrae alle istituzioni religiose potere materiale e temporale.

Spesso l’etica si è trovata solo a regolare la tecnica, perdendo ogni capacità politica. Spesso la bioetica si è limitata ad adattare gli umani alle finalità della biotecnologia [Kelly 2006]. Seguendo queste derive la bioetica assume la stessa forma della tecnica, una tecnica umana. Questo tipo di bioetica ha trovato fortuna in molti ambiti istituzionali e culturali. Sarà dunque compito di una branca della filosofia in particolare, ovvero della filosofia della tecnologia e della scienza, sviluppare un’etica della biotecnologie che sia indipendente dalla produzione tecnologica e che possa essere alla base di azioni politiche.

Conclusioni

Le linee di ricerca più recenti, quelle che vertono sulle teorie della complessità, appaiono come l’attuale sfida per la scienza contemporanea [Bocchi Ceruti 1986]. Spesso a questo termine è stata data solo una connotazione epistemologica. Tuttavia dall’analisi epistemologica può



provenire un'indicazione dei limiti teorici, scientifici e tecnologici, dunque un'analisi utile a comprendere l'impossibilità di un metodo o di un modello universale da poter applicare ad una sola realtà. La parte costruttiva del discorso spetta alla società civile, alle scienze sociali e storiche, alle istituzioni pubbliche e rappresentative, alle istituzioni culturali e politiche. Un paradigma della complessità non esiste [Stengers 1986]. Tutti i livelli del discorso, da quello epistemologico a quello antropologico, per arrivare a quello etico/politico – questi sono solo alcuni dei livelli – spesso configurano domini separati e incomunicanti, che difficilmente possono costituire una sola realtà. La vera sfida della complessità risiede nel collegare tutti questi livelli per permettere la costituzione di un'azione politica, non nel trovare un unico schema formale o di controllo con cui modellare tutta la realtà. La sfida della complessità consiste nell'individuare i limiti teorico/epistemologici legati ad aspetti culturali e metafisici che costringono le nostre riflessioni in spazi angusti; consiste nel capire in che misura la ragione economica e gli attuali assetti economico/produttivi limitano una ricerca utile al benessere pubblico. Lo sviluppo di un paradigma socio-ecologico si pone come obiettivo sempre più urgente in un mondo dove alla natura è stata sostituita una natura artificiale [Mattila 2006, Ed 2008] e dove un'inverosimile certezza ha preso il posto della, ben più importante, incertezza. In questa grande impresa sarà utile riconsiderare tutti gli strumenti teorici e tecnologici per farne un uso differente, per ricavarne risultati che spesso sono negativi e che indicano differenti e diversi modelli economico/culturali. Allo stesso modo sarà utile riflettere sui modelli causali utilizzati in epidemiologia, in ecologia, in sociologia, in economia, solo per citare alcune discipline, semplicemente per riconsiderare i limiti di carattere intrinseco, che ciascuna di esse ha in sé. Questi limiti sono storicamente e socialmente determinati. Ad esempio l'epistemologia è un ambito di produzione di verità istituzionali – la scuola dell'epistemologia francese di George Canguilhem o Gaston Bachelard è un buon esempio di ciò, così come sono buoni esempi di ciò le grandi scuole francesi dove vengono formati i quadri statali, l'ENS ad esempio. In questa parte della storia francese lo Stato era ancora garante di uno scenario politico volto a perseguire le finalità pubbliche, dei cittadini, dunque dello stesso Stato.

Ora che le istituzioni nazionali e internazionali stanno perdendo la loro rappresentanza, per essere oggetto di pressioni da parte di lobby e grandi società private, l'epistemologia sta perdendo il suo valore critico e costruttivo; l'epistemologia ora può dunque essere utilizzata in maniera ideologica, come pratica per produrre verità utili alla perpetuazione di assetti socioeconomici e tecnosociali. Di limiti come questi ne esistono molti, tutti ad indicare la possibilità di un sapere tecnico/scientifico adatto agli scopi degli esseri umani e non, viceversa, degli umani adattati e dominati da una sapere scientifico. Sarà dunque indice di buona salute critica iniziare a connettere riflessioni etiche provenienti dalla società civile e dall'opinione pubblica con la politica reale, la ricerca scientifica e la filosofia della tecnica e della scienza. Esistono già istituzioni che colgono questa complessità, ad esempio l'Intergovernmental Panel on Climate Change (IPCC), un organo delle Nazioni Unite, che dal 1988 cerca di fornire, ai decision-makers, informazioni oggettive sui cambiamenti climatici [IPCC 2008]. Da queste relazioni interdisciplinari e interistituzionali si possono schiudere le possibilità di adattare tecnica e scienza agli esseri umani e a tutte le altre specie, nel rispetto delle altre specie animali e vegetali, così come possono essere messi in questione i differenti usi della tecnica,



una riflessione sempre più urgente; da ciò possono altresì scaturire livelli di consapevolezza più ampi circa la produzione tecnologica, i diretti cambiamenti sociali ed ecologici che essa implica e la possibilità di un futuro dignitoso su questo Pianeta.

Flavio D'Abramo

Bibliografia

1. Barsanti G. (1992), *La scala, la mappa, l'albero: immagini e classificazioni della natura fra Sei e Ottocento*, Sansoni, Firenze.
2. Bocchi G., Ceruti M. (1986), *La Sfida della Complessità*. Feltrinelli, Milano.
3. Canadelli E. (2004), *Freccia e ciclo. Metafore evolutive e morfologiche della natura*, "Leitmotiv. Motivi di estetica e filosofia dell'arte", rivista elettronica: www.ledonline.it/leitmotiv.
4. Canguilhem G., Lapassade G., Piquemal J., Ulmann J. (2006), *Dallo sviluppo all'evoluzione nel XIX secolo*, Mimesis, Milano.
5. Canguilhem G. (1963), *Ideologie et rationalité dans l'histoire des sciences de la vie*, Vrin, Paris.
6. Cartwright N. (1999), *The Dappled World. A Study of the Boundaries of Science*, Cambridge University Press, Cambridge.
7. de Chadarevian S. (2007), "Rosalind Franklin e i suoi difensori", in Zucco F., Gagliasso E. (a cura di), *Il genere nel paesaggio scientifico*, Aracne, Roma, pp. 89-108.
8. Commoner B. (2005), "La replicazione del DNA: il tallone di Achille della genetica molecolare", relazione tenuta al congresso del Consiglio dei Diritti Genetici, "Scienza e società. La frontiera dell'invisibile: determinismo e riduzionismo nella scienza, brevettabilità della materia vivente, governance dell'innovazione biotecnologia", Lastra a Signa, Firenze.
9. D'Abramo F. (2008), "Final, Efficient and Complex Causes in Biology", forthcoming.
10. Darwin C. (1859), *The origins of species*, prima edizione, (<http://darwinonline.org.uk>).
11. Daston L. (1992), "Objectivity and the Escape from Perspective", in *Social Studies of Science*, 22, 4: 597-618.
12. Di Bartolo M. (2004), "Antropo-genia o antropo-logia? Ernst Haeckel e Andrea Angiulli sulla pena di morte", in *Natura umana e individualità psichica. Scienza, filosofia e religione in Italia e Germania tra Ottocento e Novecento*, a cura di Stefano Poggi, Unicopli, Milano.
13. Ed M. (2008), "Initiative in Tanzania", Seminar : "Health effects of climate change", Imperial College London, London.
14. Gagliasso E. (2006), "Riduzionismi: il metodo e i valori", in C. Modonesi et al. (ed.), *Il gene invadente*, Baldini e Castoldi, Milano, pp. 102-122.



16. Gagliasso E. (2007), "L'ambiguo statuto del corpo oggetto. Spiegazione, rappresentazione e metafore tra anatomia e arte", in Coccoli G., Ludovico A., Marrone C., Stella F. (a cura di), *La mente e il corpo, e i loro enigmi*, Stamen, Roma.
17. Gould S. J. (1977), *Ontogeny and Phylogeny*, Harvard University Press, Cambridge, Mass.
18. Gould S. J. (1991), *Intelligenza e pregiudizio*, Editori Riuniti, Roma.
19. Jablonka E., Lamb M. J. (2007), *L'evoluzione in quattro dimensioni. Variazione genetica, epigenetica, comportamentale e simbolica nella storia della vita*, Utet, Milano.
20. Kahn A., Vineis P. (2008), "Initiatives in Bangladesh", Seminar : "Health effects of climate change", Imperial College London, London.
21. Kay L. E. (2000), *Who Wrote the Book of Life? A History of the Genetic Code*, Stanford University Press.
22. Keller E. F. (2001), *Il secolo del gene*, Garzanti, Milano.
23. Kelly S. E. (2006), "Toward an Epistemological Luddism of Bioethics", in *Science Studies*, Vol. 19, 1: 69-82.
24. Intergovernmental Panel on Climate Change (2008), si veda il sito web: www.ipcc.ch
25. Latour B. (1987), *Science in Action*, Harvard University Press.
26. Latour B. (2008), *Disinventare la modernità. Conversazioni con François Ewald*, Eleuthera, Milano.
27. Leonelli S. (2007), "[What Is In A Model?](#)", in: Laubichler M., Müller G. B., (eds.) *Modeling Biology. Structures, Behaviours, Evolution*. Vienna Series: MIT Press.
28. Lewontin R. C. (1993), *Biologia come ideologia. La dottrina del DNA*. Bollati Boringhieri. Torino.
29. Limentani R. (2009), "La doublure d'une écriture des autres", PUF, Paris, à paraître.
30. Margulis L. (1998), *Symbiotic Planet : A New Look at Evolution*, Basic Books.
31. Mattila E. (2006), *Questions to Artificial Nature: A Philosophical Study of Interdisciplinary Models and their Functions in Scientific Practice*, University of Helsinki, Helsinki.
32. Poincaré H. (1905), *Leçons de mécanique céleste professées à la Sorbonne*, Gauthier Villars, Paris.
33. Shapin S. (1991), "The Mind in Its Own Place: Science and Solitude in Seventeenth-Century England", in *Science in Context*, 4: 191-218.
34. Stengers I. (1986), "Perché non può esserci un paradigma della complessità" in Bocchi Ceruti, *op. cit.*, pp. 61-83.
35. Rosoff P. M., Rosenberg A. (2006), "How Reductionism refutes Genetic Determinism" in *Stud Hist Philos Biol Biomed Sci*. 37:122-135.
36. Ziman J. (2000), *Real Science. What it is, and What it Means*, Cambridge University Press, Cambridge.
37. Ziman J. (2008), "Scienza e società civile", in Zucco F., Gagliasso E. (a cura di), *Il genere nel paesaggio scientifico*, Aracne, Roma, pp. 15-36.

Recensione

Komplexitäten. Warum wir erst anfangen die Welt zu verstehen

Sandra Mitchell
Suhrkamp, Frankfurt 2008



Ai problemi posti alla riflessione epistemologica dalla complessità dei fenomeni biologici è dedicato l'ultimo lavoro della filosofa della scienza Sandra Mitchell, *Komplexitäten. Warum wir erst anfangen die Welt zu verstehen*, pubblicato in lingua tedesca per i tipi della Suhrkamp. Sin dal titolo (*Komplexitäten*) risulta chiaro che il problema della complessità deve essere declinato al plurale ed è per questo che Sandra Mitchell ritiene necessario mostrare, passandole in rassegna, le differenti e irriducibili forme di complessità che caratterizzano il mondo vivente nella sua varietà e diversità. Il sottotitolo, invece, rimanda all'intento che anima il lavoro: individuare le molteplici forme di sapere che possono essere utilizzate per comprendere la complessità del mondo vivente.

L'intero testo raccoglie la sfida, dal doppio volto epistemologico e ontologico, lanciata dalla complessità alla riflessione filosofica.

Scriva Sandra Mitchell:

Esaminerò la complessità e la contingenza che caratterizzano i processi naturali e che portano modificazioni in un triplice ordine di discorso: 1) nel modo in cui noi comprendiamo il mondo attraverso concetti; 2) nel modo in cui esploriamo il mondo; 3) nel modo in cui agiamo nel mondo" (p. 29). In particolare i temi centrali che vengono affrontati riguardano spiegazioni, metodi, e procedimenti che è lecito utilizzare al fine di comprendere fenomeni caratterizzati da dinamiche complesse¹.

«La complessità – scrive Sandra Mitchell – richiede (*erfordert*) un nuovo genere di comprensione (*Verstaendnis*)» e «un nuovo approccio di teoria della conoscenza» (*erkenntnistheoretischer Ansatz*).

Il testo si apre significativamente con un caso di complessità, la depressione (pp. 11-30). In questo modo vengono subito individuati i principali bersagli polemici di *Komplexitäten*: le posizioni che vedono nell'unificazione riduzionistica l'unica possibilità di interpretare le teorie scientifiche; l'idea che l'unico modo veramente scientifico di spiegare il mondo sia quello offerto dalle scienze fisiche; la convinzione che la semplicità sia un valore epistemologicamente privilegiato; la necessità epistemica di trovare principi universali e atemporali; e infine la tendenza a fornire letture deterministiche e sostanzialistiche della realtà. Se si è disposti ad accogliere seriamente la sfida lanciata dalla complessità, invece, sarà

¹ Ivi, p. 54.



necessario ridare valore a nozioni quali: contingenza, multifattorialità, pluralismo, integrazione, pragmatismo, dinamicità dei saperi, ampliamento esplicativo e così via (pp. 30-32). È poi il problema dell'organizzazione ad essere affrontato attraverso le nozioni di composizione e causalità (pp. 32-55). Le proprietà dei sistemi complessi sono emergenti, poiché sono l'effetto (*Verhaltenseffekten*) della non linearità delle relazioni che legano le parti che li compongono. Le proprietà emergenti, dinamiche e sensibili alle caratteristiche del contesto, sono poi essenzialmente influenzate dalla storia passata del sistema cui appartengono. La varietà e la contingenza sono infatti caratteristiche essenziali del mondo vivente, poiché esso è il risultato di una complessa storia evolutiva. È quindi il problema del rapporto che lega causalità e spiegazione nel caso specifico delle proprietà emergenti ad essere affrontato (pp. 74-108). A tal fine, l'autrice propone di utilizzare un approccio pragmatico che si concentri sulle funzioni e sui compiti che certe conoscenze, spiegazioni e predizioni riescono a conseguire in determinati ambiti di ricerca. Viene quindi ampiamente e dettagliatamente valutata la proposta teorica di Jim Woodward, con particolare riferimento al ruolo che in essa giocano le nozioni di modularità, intervento, causalità e rete. È poi sulla profonda incertezza che caratterizza la conoscenza che è possibile avere dei sistemi complessi, in particolare di quelli biologici, che si sofferma l'attenzione dell'autrice (pp. 117-132). Inoltre vengono sottolineate le conseguenze che conoscenze che hanno a che vedere con un mondo complesso hanno sulla nostra capacità di elaborare soluzioni e prendere decisioni. Vengono infine ribaditi il loro carattere contingente e la loro robustezza dinamica. Il testo si conclude con considerazioni di stampo pragmatico (pp. 148-150) e dinamico (pp. 150-155).

Nonostante la quantità e l'eterogeneità di temi, esempi e argomenti affrontati in *Komplexitäten* ne rendano difficile una sintesi esaustiva, è possibile individuare gli elementi portanti su cui si regge la struttura espositiva e concettuale del testo in una serie di tesi strettamente connesse le une con le altre. Le domande attorno alle quali si sviluppa la linea argomentativa del testo sono le seguenti: "Che genere di proprietà possiedono i fenomeni complessi?", e poi: "In che modo posso fornirne una spiegazione?".

Per rispondere alla prima domanda è di centrale importanza considerare la definizione di *proprietà emergente* che caratterizza i sistemi complessi. Le proprietà emergenti sono infatti definite da Mitchell come "[...] effetti del comportamento (*Verhaltenseffekten*) di sistemi non lineari" (p. 46). Non sono quindi né sostanze, né attributi dei fenomeni a individuare le proprietà di questi ultimi, bensì particolari *Verhaltenweisen*. Tali comportamenti emergono (1) a causa delle relazioni non lineari che legano le parti di un fenomeno e (2) per mezzo delle relazioni reciproche (*Wechselbeziehungen*) che legano le singole componenti del sistema alle proprietà di ordine superiore e viceversa. Caratteristiche fondamentali per la comprensione delle proprietà emergenti sono, ad esempio, la dinamicità, la sensibilità alle modificazioni del contesto, l'importanza attribuita alla storia passata del fenomeno e la loro non prevedibilità (si veda p. 49-54). Queste caratteristiche possono essere spiegate scientificamente (sono *wissenschaftlich erklärbar*, p. 53), ma solo a condizione che si sia disposti a pensare i compiti della spiegazione scientifica in maniera radicalmente differente. I comportamenti emergenti, inoltre, quando si parla di fenomeni biologici, sono profondamente segnati, per dirla con



Beatty, dalla loro *contingenza evolutiva*. Le proprietà dei fenomeni biologici sono il prodotto di una lunga storia evolutiva. Essi sono infatti essenzialmente storici e, quindi, contingenti (p. 55 e pp. 141-2). In questo senso possiedono caratteristiche che sarebbero potute essere differenti da quello che sono attualmente, e che, nel corso della storia della vita, sono effettivamente state differenti. Il campo delle possibilità che rientrano nello studio dei sistemi biologici è molto ristretto, poiché corrisponde a ciò che, attraverso l'azione congiunta di selezione naturale, caso e vincoli posti allo e dallo sviluppo, è stato effettivamente prodotto nel corso della storia. Se queste sono le caratteristiche che non possono essere ignorate da chi pretenda di fornire una spiegazione dei fenomeni biologici, allora occorre affrontare il problema di che cosa significa spiegare in ambito biologico da una prospettiva differente.

Che genere di spiegazioni richiedono le proprietà che emergono sui diversi livelli in cui la materia vivente si auto-organizza? Quale è l'idea della *conformità a leggi* (*Gestzmässigkeit*) che esse impongono all'attenzione dell'epistemologo? Oppure, come è possibile che leggi che non sono né ideali né universali riescano nell'intento di spiegare e predire? L'approccio pragmatistico di *Komplexitäten* propone di guardare a come le leggi scientifiche svolgono il proprio ruolo nel triplice ambito della sperimentazione, della spiegazione e dell'istruzione. Solo dopo aver fatto questo, sarà possibile valutare l'utilità di certe generalizzazioni empiriche. Obiettivi di tale approccio sono l'ampliamento della nozione di legge scientifica e la sua relativa pluralizzazione.

In base ai diversi scopi pragmatico-esplicativi di cui vive il lavoro scientifico, vengono infatti prodotte differenti letture nomologiche della realtà (p. 148). Mitchell aderisce alla prospettiva di Jim Woodward basata sulla considerazione del ruolo di interventi causali esterni sui fenomeni che devono essere studiati. Rispetto alla proposta teorica di Woodward, tuttavia, fa perno sul criterio dell'invarianza e sulla nozione di modularità, Mitchell ritiene che, se si considerano le dinamiche dei sistemi complessi, questi due aspetti non sono sufficienti a consentire una spiegazione adeguata.

La modularità sarebbe infatti ancora segno di indipendenza dal contesto delle proprietà emergenti (p. 103), poiché consentirebbe di smontare (*zerlegen*) un sistema complesso di cause nelle sue parti, le singole cause, per poi analizzarle singolarmente e indipendentemente le une dalle altre (p. 97). Secondo Mitchell, invece, le relazioni causali dei sistemi complessi hanno la caratteristica essenziale di non essere modulari e di far parte di una rete dinamica di relazioni che deve essere sempre e comunque considerata nella sua complessità se si vuole che la spiegazione, anche di un singolo effetto causale, possa essere considerata pragmaticamente virtuosa, nonostante non sia né universale né necessaria. Quanto alla critica dell'uso dell'invarianza come criterio per valutare una spiegazione efficace, Mitchell ritiene che in realtà non è il fatto di essere invariante rispetto a determinati interventi che rende esplicativa una generalizzazione. Al contrario, le sue virtù esplicative sono proporzionali al grado di stabilità posseduto dalle condizioni a cui si riferisce e da cui è stata estrapolata la relazione causale spiegata (p.74).

La proposta teorica complessiva che emerge da *Komplexitäten* è un invito filosofico ad elaborare un'*epistemologia pragmatistica delle spiegazioni*. Dalla domanda su che cosa è una legge o su quali caratteristiche deve possedere un asserto per poter essere definito tale, si



deve passare infatti a considerare quali sono le pratiche sperimentali, euristiche ed epistemiche che consentono di cogliere gli aspetti complessi del mondo vivente. È in questo spirito inoltre che il riduzionismo viene criticato: il riduzionismo non è la migliore strategia di ricerca, poiché è impossibilitato a cogliere alcune caratteristiche fondamentali del mondo biologico. E questo in contrasto con una delle argomentazioni più dure a morire sostenuta da chi difende posizioni riduzionistiche, ovvero il fatto che si tratterebbe di un approccio euristicamente potente. Il riduzionismo, scrive Sandra Mitchell, non è né sempre vero né sempre falso, ma sicuramente non è l'unica strategia esplicativa possibile. Il problema delle leggi e della causalità viene ricondotto alle pratiche utilizzate al fine di spiegare i processi scientifici. È come se l'autrice suggerisse che non è possibile fornire spiegazioni dei nessi causali di cui è intessuta la rete dei sistemi complessi se non si considerano le prassi euristiche ed epistemiche che contestualmente e localmente danno loro vita e forma.

La proposta del pluralismo integrativo scaturisce proprio da un percorso che arriva a constatare la necessità di considerare in maniera più attenta, locale e contestuale le componenti pragmatiche di cui vive l'impresa scientifica. Il pluralismo esplicativo si configura quasi come una sorta di invito, rivolto sia a chi fa scienza sia a chi ha il compito di chiarire e valutare filosoficamente metodi e risultati dell'impresa scientifica, a costruire e dare vita a un atteggiamento epistemologico ed epistemico che sia pluralistico e che sappia al contempo integrare in un contesto ampliato spiegazioni di diverso ordine e grado.

Guido Caniglia

Recensione

Dal moscerino all'uomo: una stretta parentela

Edoardo Boncinelli, Chiara Tonelli, a cura di Enrico Casadei Sperling & Kupfer editori, Milano 2007



Della Sperling & Kupfer, per la stessa collana curata da Umberto Veronesi, *The future of Science*, Edoardo Boncinelli, insigne genetista e biologo, e Chiara Tonelli, docente di Genetica presso l'Università degli studi di Milano, firmano la raccolta di saggi dal titolo "*Dal moscerino all'uomo: una stretta parentela*". Studiosi del calibro di Luigi Luca Cavalli-Sforza, Denis Duboule, Tecumseh Fitch, Ian Tattersall si adeguano con i loro lavori al tono e agli intenti divulgativi del libro. Questo volume ha come caratteristica principale una notevole chiarezza comunicativa. Esso riesce a trattare argomenti poco familiari al grande pubblico con piglio chiaro e cristallino. La struttura del libro ricalca inoltre lo stile conferenziale in cui i diversi articoli che lo costituiscono sono stati originariamente presentati. *The Future*

of Science non è solo il titolo di una collana di divulgazione scientifica, ma il nome di un'istituzione internazionale impegnata nella promozione di conferenze a livello internazionale.

Gli articoli di cui è costituito il libro hanno per oggetto alcuni concetti poco conosciuti, ma che rivestono una fondamentale importanza all'interno del dibattito biologico contemporaneo. In particolare sono le posizioni neodarwiniane a divenire oggetto di studio. Tutti gli interventi sottolineano l'importanza del ruolo e delle scoperte della genetica e della biologia molecolare che con i loro dati stanno fornendo ipotesi estremamente interessanti sull'origine della vita, sulla sua evoluzione e sulla varietà delle forme che la caratterizza.

Il contributo di Boncinelli, ad esempio, fa il punto sulla teoria dell'evoluzione e chiarisce nozioni quali quelle di *varietà fenotipica*, *selezione naturale*, *mutazione* e *ereditarietà dei caratteri acquisiti*. Di seguito, il genetista italiano affronta il problema del funzionamento di alcuni geni (passando dal fenomeno di *speciazione* e da studi empirici sulla *selezione*), soffermandosi in particolare sui cosiddetti "*geni architetti*", i *geni omeotici*, anche conosciuti come *geni Hox*, scoperti alla fine degli anni settanta del secolo scorso attraverso studi sul moscerino della frutta, la *Drosophila Melanogaster*. La caratteristica più interessante che questi geni possiedono sta nel fatto che essi sono presenti in tutte le specie, e che cambiano nell'ordine numerico in relazione alla *complessità* della struttura organica. Gli Hox, geni regolatori di ordine superiore, hanno la funzione di attivare altri geni, di livello inferiore, preposti alla costruzione dell'organismo e di tutte le sue specifiche proprietà.

Lo stesso argomento viene affrontato anche da Duboule, docente di Zoologia e Biologia animale all'Università di Ginevra, il quale, per descrivere la funzione dei geni *Hox*, ricorre alla metafora della "cassetta degli attrezzi" (*toolkit*): «una specie di scatola di montaggio condivisa da tutti gli esseri viventi, prova inconfutabile della discendenza da un antenato comune».



Questa metafora consente di mettere in evidenza come in natura non vi siano innovazioni, ma che spesso vengono usati materiali già esistenti che vengono modificati e cooptati per altri usi. Di particolare interesse è poi il contributo di Fitch sulla fratellanza delle specie. Secondo l'autore, oltre al materiale genetico, condividiamo con le altre specie viventi un ideale punto di partenza nella storia dell'evoluzione.

Da segnalare è infine l'intervento di Chiara Tonelli, che tratta della nascita dell'agricoltura e di come questa abbia modificato le abitudini comportamentali degli ominidi, favorendo una co-evoluzione fra le diverse specie di piante coltivate – mais, grano e riso – che erano alla base dell'alimentazione degli uomini preistorici. Viene così mostrato in che modo e in che misura l'intervento dell'uomo, anche minimo, possa influenzare lo sviluppo dell'ambiente.

Riccardo Furi

Indice

La teoria dell'evoluzione oggi

Edoardo Boncinelli

Darwin al tempo del genoma

Denis Duboule

L'evoluzione e il futuro della scienza

Ian Tattersall

La foca e il pescatore. Sulla fratellanza delle specie

Tecumseh Fitch

Agricoltura: una storia lunga diecimila anni

Chiara Tonelli

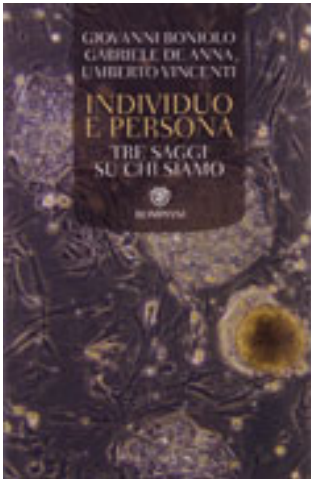
La specie umana: un'evoluzione di geni e cultura che sta cambiando il mondo

Luigi Luca Cavalli-Sforza

Recensione

Individuo e persona. Tre saggi su chi siamo

Giovanni Boniolo, Gabriele De Anna, Umberto Vincenti
Bompiani, Milano 2007



I tre autori di questo libro dibattono il significato della nozione giuridica di 'persona' e il suo rapporto con il concetto più generale di 'individuo'. Tesi comune è che quello di 'persona' sia un termine ormai svuotato del suo significato originario, tanto che il diritto si trova di fronte a gravi difficoltà nel dirimere questioni etiche come quelle legate all'aborto, alla fecondazione artificiale o all'eutanasia. La proposta comune ai tre autori consiste nell'abbandonare la «categoria di 'persona' per adottare quella di 'individuo umano'». ¹ Tale soluzione è comunque argomentata in modo indipendente, in linea con le diverse opinioni e percorsi di formazione degli autori in filosofia della scienza, filosofia politica e diritto romano. Ne emerge un testo in cui la concordanza di fondo

non elimina quel «dibattito etico corretto» ² che dovrebbe sottoporre alla scienza giuridica i «migliori criteri orientativi sia dal punto di vista metodologico che da quello ontologico-antropologico». ³

1. A proposito di 'persona'

Il saggio di Boniolo, alla luce dei risultati della medicina e della biologia, cerca di trovare in una visione naturalistica dell'individuo una caratterizzazione teoricamente nitida della nozione di persona:

Eliminiamo dai discorsi filosofici (e quindi anche etici e biologici) il termine persona e così elimineremo anche gli interminabili e fastidiosi dibattiti e chiacchiericci intorno alla questione se qualcosa sia persona o meno. Il felice vuoto terminologico così ottenuto poi lo riempirà [...] [il termine] di *individuo umano*. ⁴

È però difficile definire criteri di identità per la nozione di individuo, dal momento che quella di identità genetica non è sufficiente (i gemelli condividono lo stesso DNA, pur essendo individui diversi) e che, nelle definizioni basate sulla continuità di certe proprietà biologiche, «il rimando alla biologia è piuttosto allusivo». ⁵ A partire dalla considerazione che ogni individuo umano «è qualcosa di estremamente complesso, in continua interazione con l'ambiente circostante da cui è trasformato continuamente» ⁶ e che «questa complessità trasformazionale [...] può essere

¹ Pag. 9.

² Pag. 6.

³ Pag. 8.

⁴ Pag. 15.

⁵ Pag. 48.

⁶ Pag. 22.



descritta in termini di plasticità fenotipica»,⁷ Boniolo propone che «nella plasticità fenotipica si può rintracciare quella proprietà sufficiente per caratterizzare l'individualità di un essere umano».⁸

La nozione di individuo umano viene così elaborata non solo a partire dalle basi genetiche che definiscono l'uomo come specie vivente, ma anche in relazione al particolare processo di sviluppo di ognuno di noi. Tale processo non può in nessun modo essere visto come contingente, dal momento che «è la singola ontogenesi e la singola vita del singolo essere umano che lo porta ad avere un dato fenotipo *in senso globale* che lo individualizza e ne permette l'individuazione».⁹ Se il processo ontogenetico di sviluppo è dunque definitorio dell'individuo, è allora necessario «abbandonare ogni tentativo di parlare in termini di proprietà sostanziali umane. Ogni proprietà deve essere invece interpretata come il risultato accidentale di un lungo processo evolutivo».¹⁰ La biologia perde così la possibilità di identificare una nozione "giusta" o "normale" di essere umano, dal momento che «ci sono infinite possibilità di attualizzare la plasticità cerebrale, e nessuna di esse è più o meno umana delle altre».¹¹ Infatti «la continuità nel tempo dei diversi fenotipi ha a che fare con l'individualità, e da questo punto di vista i diversi modi in cui l'attualizzazione avviene è del tutto irrilevante».¹² Boniolo svincola così la nozione di individuo umano dal possesso di certi attributi psicologici o di certe funzioni mentali di alto livello: anche da un punto di vista biologico, sostiene, non esistono ragioni per discriminare quei casi in cui tali funzioni non si sono sviluppate, o sono rimaste danneggiate.

Boniolo conclude cercando da una parte di limitare l'impatto delle sue argomentazioni, poiché non è detto «che la scelta etica e quella normativa debbano, o possano, ridursi a ciò che afferma la scienza».¹³ Tuttavia, di fatto, la sua proposta fa proprio discendere conclusioni normative a partire da considerazioni scientifiche. Egli riconosce infatti che «il problema [...] sta nel dirimere la questione intorno a [...] quali siano i diritti che si devono accordare alle persone e quali siano i diritti che si devono accordare agli individui»,¹⁴ e la sua conclusione è che «se essere individuo equivale a essere persona il problema non si pone [...]. Un essere vivente dovrebbe avere dei diritti non perché è o non è persona ma semplicemente perché è un individuo umano».¹⁵ La sua proposta di "deideologizzare" il dibattito etico concernente la nozione di 'persona' coincide così proprio con l'assunzione di una prospettiva precisa sul valore regolativo delle questioni scientifiche nel districare questioni giuridiche.

⁷ *Ibid.*

⁸ Pag. 19.

⁹ Pag. 43.

¹⁰ Pag. 52.

¹¹ Pag. 51.

¹² Pag. 56.

¹³ *Ibid.*

¹⁴ Pag. 58.

¹⁵ *Ibid.*



2. L'ambiguità contemporanea del termine 'persona'

De Anna critica la soluzione nominale di Boniolo: infatti, la sua «operazione di pulizia linguistica forse sposterebbe il problema di fondo, che non è linguistico ma sostanziale: che cosa fa sì che un essere umano debba o non debba essere trattato in modi svincolati normativamente?». ¹⁶ Occorre intraprendere allora un'indagine critica e storica del concetto 'persona', alla ricerca di un suo significato, che possa dirimere tali questioni.

Le origini di questo percorso si rifanno alla tradizione ebraica e a quella greca (Platone, Aristotele), che caratterizzano il concetto di 'persona' in relazione al fatto che l'uomo (i) costituisce una specie unica, e che (ii) trascende la realtà empirica in quanto essere spirituale. Tale tradizione non individua un insieme di proprietà attribuibili a tutti gli esseri umani, nonostante poi si riconosca che «anche se la famiglia umana è unica e dunque tutti gli uomini [...] hanno la *capacità* di esistere come esseri spirituali, solo alcuni riescono a *sviluppare* completamente tale capacità». ¹⁷ La definizione di uomo è invece di carattere sostanziale. A questa connotazione se ne aggiunge, nell'alto Medioevo, una di carattere valoriale, quando il termine 'persona' viene utilizzato all'interno delle dispute trinitarie per spiegare i rapporti tra Padre, Figlio e Spirito Santo (Tertulliano).

Nel Rinascimento viene invece aperta la strada a teorie antropologico-filosofiche che nell'antichità erano state minoritarie, come il materialismo (Hobbes). Descartes cercherà di conciliare questa nuova visione con la precedente ispirazione cosmologica di stampo teista, e arriverà alla conclusione dell'esistenza, nell'uomo, di due sostanze, una materiale e una mentale. La sua teoria, tuttavia, piuttosto che conciliare teismo e materialismo, introduce le basi per una concezione problematica del rapporto tra mente e corpo, e provoca uno spostamento di significato del termine 'persona', che si riferisce adesso solo a una parte dell'essere umano, la *res cogitans*. Questa identificazione parziale è ripresa dall'empirismo inglese. La sostanza pensante diventa in Locke un concetto nominale con cui riferirsi alla continuità del flusso delle percezioni, mentre in Hume si trasforma in un termine privo di riferimento, in seguito alla critica del concetto di sostanza da parte di Hume. Si evidenzia così un percorso parabolico del termine 'persona':

Nella sua parabola ascendente, [esso] ha assunto un senso valoriale in virtù del quale sembra promettere di fare due cose: descrivere oggettivamente una cosa e prescrivere come ci si debba rapportare ad essa [...]. In un contesto materialistico, quale quello determinato dalla parabola discendente, una parola non può avere queste caratteristiche: [...] 'persona' diviene semanticamente ambigua. ¹⁸

De Anna ritiene che tale ambiguità è sopravvissuta ai nostri giorni. Anche pensatori come Mounier e Maritain hanno identificato la persona con alcuni attributi dell'essere umano, negando la sostanzialità del termine, o hanno riproposto la scissione dell'individuo in mente e corpo. L'esito di tale impostazione è che oggi «l'utilizzo corrente del termine 'persona' sembra

¹⁶ Pag. 63.

¹⁷ Pag. 68.

¹⁸ Pagg. 113-114.



prescindere da qualsiasi criterio oggettivo e consistere solo nel tentativo di introdurre surrettiziamente una valutazione». ¹⁹

De Anna nota allora che «l'inversione di fortuna storica tra il materialismo e filosofie che ammettono la trascendenza non è dipeso da confutazioni filosofiche definitive». ²⁰ In questo modo cerca di recuperare il significato positivo e sostanziale del termine a partire da una critica di quelle assunzioni filosofiche – materialismo e dualismo mente-corpo - che ne hanno decretato prima uno slittamento di significato, e quindi la decadenza. In particolare, il materialismo «ha sempre avuto il problema di spiegare [...] la soggettività». ²¹ Il dualismo mente-corpo viene invece superato, secondo lui, nella prospettiva proposta da Peter Strawson, il quale ritiene che:

il concetto di persona, come e più quello di individuo, è metafisicamente prioritario rispetto a quello di corpo e stato mentale. Per Strawson, quindi, è un aspetto costitutivo della nostra esperienza che esistano persone, alle quali noi attribuiamo sia proprietà fisiche sia proprietà mentali. ²²

La teoria essenzialista di Strawson si rifà quindi all'uso sostanziale e classico del termine 'persona', che deve fungere da guida nella risoluzione delle controversie di carattere giuridico.

3. 'Persona' e diritto: trasformazioni della categoria giuridica fondamentale

La stessa ambiguità del termine 'persona' criticata da De Anna viene denunciata anche da Vincenti, che auspica la «necessità di ripensare la categoria giuridica di 'persona' nel nuovo contesto dell'*homo technologicus*». ²³ La sua prospettiva storica ripercorre però la storia del termine nella dottrina giuridica, piuttosto che nell'evoluzione del pensiero filosofico.

Il diritto romano si fonda sulla distinzione tra persone e cose. In questo contesto il termine 'persona' indica tutti gli uomini, anche se poi «le persone sono diverse in dipendenza del loro rispettivo statuto». ²⁴ Infatti, «solo *chi ha* (o può *avere*) è *persona* idonea ad assumere la parte dell'uomo indipendente da qualunque altro». ²⁵ Si distinguono così i titolari del diritto di proprietà (i *patres familias*) e coloro che non possono possedere beni (donne e schiavi), che sono *subiecti* (sottoposti, sottomessi, assoggettati), persone soggette al diritto di chi è invece possessore. In età classica, inoltre, il termine 'persona' si riferisce esclusivamente a uomini, e non viene mai applicato a entità astratte, come le città. Tuttavia nel tardo impero si riconosce a chiese e monasteri il diritto di avere proprietà mobiliari e immobiliari in conseguenza di lasciti e donazioni. Così «l'equazione *avere uguale essere* apre [...] il percorso intellettuale che conduce, tra il II° e il III° secolo d. C., ad abbozzare l'idea dell'assimilazione di un insieme di

¹⁹ Pag. 128.

²⁰ Pag. 99.

²¹ Pag. 130.

²² Pag. 135.

²³ Pag. 140.

²⁴ Pag. 143.

²⁵ Pag. 168.



cose – unificate nella destinazione – a una persona»,²⁶ fino all'affermazione chiara di questa possibilità nel diritto tardo medioevale, che riconosce «accanto alle *personae* fisiche, le cosiddette *personae fictae* o *rapraesentatae*».²⁷

In epoca moderna, l'abolizione della schiavitù e l'affermazione di principi democratici universali proiettano l'uomo comune al centro dell'universo. Si ritiene però, che l'ordine delle cose sia ancora stabilito da Dio, ed il diritto è visto in maniera strumentale rispetto all'etica, che ne costituisce il fine (Wolff). Il giusnaturalismo affermerà invece che tali diritti sono naturali. Esso viene sottoscritto dalle costituzioni ottocentesche e da esse allo stesso tempo dissolto, nel momento in cui un diritto ritenuto "naturale" viene riconosciuto grazie a codici che lo stabiliscono come diritto "di uno stato". Il giusnaturalismo apre così a un riconoscimento dell'autonomia della scienza giuridica, definita intorno all'«individuazione del suo oggetto specifico, le norme»²⁸ all'interno del quale «il soggetto di diritto si trasmuta in un *soggetto al diritto*»²⁹ (Kelsen).

Dopo gli orrori dei totalitarismi novecenteschi, tuttavia, tale concezione desta paura, è fa sì che «l'uomo-persona-soggetto [...] [giunga a riproporsi] come portatore di aspettative di tutela a prescindere dall'esistenza di un corrispondente modello normativo di azione protetta».³⁰ Si arriva così a un quadro in cui l'anima giusnaturalistica, che riconosce a ciascun uomo dei diritti naturali inalienabili, e quella normativista, che interpreta il diritto come un insieme di norme che devono contemplare e regolamentare la totalità della vita degli individui, convivono e cozzano in un apparato giuridico troppo esteso. Nota Vincenti che:

senza alcun peso di responsabilità si è consentita una vera e propria inflazione dei diritti, con la conseguenza, talora, di trasformare in pretese suscettibili di tutela giurisdizionale quelli che rappresentano semplici desideri di vantaggi o comodità di singoli o gruppo nei cui confronti si è formata una sensibilità sociale di favore astutamente costituita o orchestrata. Sono così sorte vere e proprie catene di diritti che hanno nei fatti contribuito, più che alla promozione dell'uomo e della sua dignità, alla conflittualità o alla competizione.³¹

L'eccessiva concessione di diritti ha dato vita alla possibilità di conflitti tra diritti diversi, cosicché in alcuni casi i diritti di qualcuno devono contare meno dei diritti di altri, e differenze tra uomini vengono a riproporsi sulla base delle diverse capacità di accesso alla difesa legale. Da questo punto di vista le questioni di bioetica hanno facile soluzione, perché il diritto tutela chi ha la capacità di parlare. Da questa visione, Vincenti sostiene che «oggi non è più accettabile, né sostenibile dire che le persone *hanno* dei diritti e basta [...]. Non è più attuale nemmeno il noto principio secondo il quale "chi esercita il proprio diritto non danneggia nessuno"».³² L'obiettivo è invece quello di «costruire un diritto sempre più comune, arrotondandolo, laddove necessario, per includere un numero sempre più ampio di soggetti».³³ In questa prospettiva, «l'interferenza o ingerenza [tra i diritti di soggetti diversi]

²⁶ *Ibid.*

²⁷ Pag. 173.

²⁸ Pag. 191.

²⁹ *Ibid.*

³⁰ Pag. 192.

³¹ Pag. 194.

³² Pag. 206.

³³ Pag. 199.



non può essere semplicemente respinta ma deve essere valutata e, nei limiti del possibile, civilmente temperata»: ³⁴ «persone e diritti [...] non si devono reciprocamente sopraffare, ma civilmente confrontare per costruire delle intese». ³⁵

Marco Fenici

³⁴ Pag. 207.

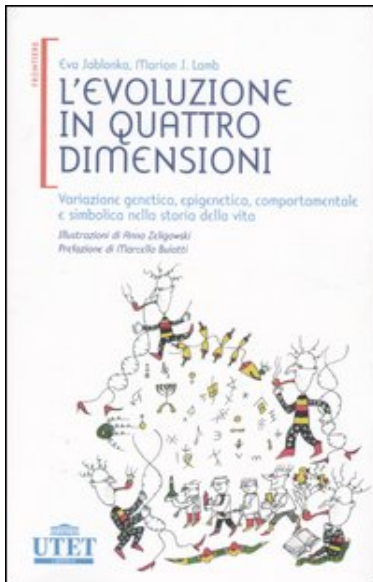
³⁵ Pag. 208.

Recensioe

L'evoluzione in quattro dimensioni

Eva Jablonka, Marion J. Lamb

Utet, Torino 2007



In questo volume, Jablonka e Lamb intendono presentare in un quadro unico e compatto i risultati sperimentali e le esplorazioni teoriche che riguardano il processo di evoluzione, un'ambizione, questa, più grande di quanto a prima vista possa apparire. Con l'obiettivo di presentare tutti gli aspetti che le autrici ritengono cruciali per comprendere l'evoluzione nella sua pienezza, sono proposti studi, teorie ed analisi che spaziano dalle ricerche sulla natura molecolare del gene fino alle strutture comportamentali e linguistiche, con una particolare attenzione nel mostrare come aspetti così eterogenei interagiscano fra loro. Nonostante la sua natura esplorativa, si tratta di un libro propedeutico solo per chi volesse avvicinarsi ad alcuni aspetti costitutivi della teoria dell'evoluzione, ma non può essere considerato come una prima lettura per chi voglia intraprendere per la prima volta

lo studio della 'storia della vita'. L'analisi qui condotta si concentra infatti sull'incedere di 'variazioni' nel susseguirsi delle generazioni. Inoltre il testo di Jablonka e Lamb riveste una notevole importanza nel superare la convinzione secondo cui tutte le risposte alle domande aperte dalla teoria dell'evoluzione possono essere trovate negli sviluppi, esclusivi, della genetica.

Alle quattro dimensioni dichiarate nel titolo viene subito dato un peso di gran lunga superiore rispetto a quello che normalmente viene loro attribuito nel processo di evoluzione (e talvolta di sviluppo). Obiettivo del libro è infatti quello di presentare le potenzialità di questi sistemi e delle loro influenze reciproche. Le analisi che vi sono contenute sono supportate da numerose prove sperimentali addotte sia relativamente ai singoli sistemi di varianza che alle loro interazioni. In questi resoconti è possibile individuare l'aspetto più importante dell'opera. Una sintesi coerente di una così vasta gamma di esperimenti che permettono di comprendere come il genoma funziona e che cosa esso non fa, e in che modo altri sistemi, normalmente intesi come vettori di sviluppo, si affiancano ad esso nella trasmissione ereditaria, è una rarità anche al di fuori del panorama italiano. Non è possibile affermare lo stesso per le nozioni teoriche qui proposte. Con l'eccezione degli studi sui sistemi epigenetici, di cui proprio le autrici hanno messo in evidenza tutte le potenzialità in un precedente volume, lo sviluppo teorico degli altri sistemi risulta essere un'ottima sintesi dei dibattiti attuali e regressi. Nell'analisi sulla genetica, ad esempio, è evidente la forte influenza de *Il secolo del gene* di Evelyn Fox Keller, come anche degli studi di Griffith e Shannon sull'informazione o di Sterelny sui legami fra genoma e comportamento.



L'analisi compiuta sulle variazioni nel sistema genetico riveste comunque un duplice interesse. Se da una parte, infatti, vengono delucidati i meccanismi di mutazione e di espressione genica, facendo molta attenzione a non cadere vittime di facili metafore, dall'altra le autrici riescono a mostrare tutta la complessità ed il fascino di un sistema che, invece di ascriversi a semplici regole statistiche e deterministiche, mostra una incredibile plasticità nell'adattarsi agli stimoli ambientali ed evolutivi. Gli esempi forniti possono concretamente mutare il modo consueto di concepire il rapporto fra DNA e organismo. Sorprenderà, all'interno di questa sezione, lo studio di come alcuni organismi riescano a potenziare la propria frequenza di mutazione, globale o locale, al fine di potenziare le probabilità di adattamento. Allo stesso tempo, le autrici sono accorte nel far comprendere quali peculiarità riguardano solo organismi semplici e quali possono estendersi ad organismi più complessi.

Un altro aspetto notevole di questo libro è la parte relativa ai sistemi epigenetici, sia per la chiarezza con cui questi vengono trattati, sia per la descrizione delle loro possibili funzioni. I sistemi epigenetici sono costituiti da strutture, processi, o anche da organismi virali e parassitari in grado di influenzare lo sviluppo e che possono trasmettersi ereditariamente. Il sistema epigenetico più immediato ed intuitivo è quello che fa riferimento alle strutture cellulari che permettono ai geni di esprimersi, talvolta anche condizionandone l'espressione, e che sono ereditate per via materna. Per tale sistema non esistono infatti geni che codificano per la loro costituzione, come le membrane cellulari. Oltre a questo primo esempio, tra i sistemi epigenetici, bisogna annoverare il processo di metilazione del genoma e l'*RNA interference*, processi in grado di influenzare sia la trascrizione che la traduzione del DNA. Non sono mai esistite grandi difficoltà nel teorizzare come i sistemi epigenetici influenzino lo sviluppo degli organismi, ma lo stesso non vale per la loro ereditarietà. Quest'ultima si comprende meglio se viene mostrata l'eterogeneità delle situazioni che la rendono possibile, piuttosto che attraverso esposizioni di ordine teorico e categorico. E in questo, attraverso i numerosi esempi, il libro consente di acquisire una discreta familiarità con le proprietà che caratterizzano tali sistemi. Ben documentata è inoltre l'incidenza dei sistemi epigenetici sulle condizioni di variabilità del genoma e sulla sua evoluzione.

Meno entusiasmanti sono le parti successive, dedicate al comportamento animale e al linguaggio simbolico umano, intesi come sistemi variabili ed ereditabili in grado di condizionare l'evoluzione delle specie. La validità e l'importanza degli esperimenti proposti nel libro non sono discutibili. Oltre all'impatto delle variazioni comportamentali e linguistiche nello sviluppo e nell'eredità, viene anche evidenziato come talune scelte, per esempio quelle alimentari, possano influenzare lo sviluppo della progenie al pari della componente genetica. Tuttavia, le conclusioni tratte in questo caso sono più labili, talvolta forzatamente ricondotte ai canoni delle variazioni genetiche. Il lavoro qui compiuto, sebbene voluminoso, è senza dubbio meno innovativo e non si distacca dalle linee comuni del dibattito corrente.

Nonostante le autrici sostengano con forza l'importanza delle variazioni nei comportamenti e nei linguaggi per l'evoluzione, nella terza parte, in cui mostrano come le quattro dimensioni dell'evoluzione operano congiuntamente, appare evidente come la rilevanza di questi sistemi sia difficilmente paragonabile sul piano teorico al sistema genetico e a quello epigenetico. In questo punto si assiste ad un evidente slittamento esplicativo. Si passa infatti dall'analisi



meccanicistica dell'interazione fra genoma e sistemi epigenetici ad una interpretazione olistica sul contributo delle variazioni comportamentali e culturali. Questa sembra essere l'unica soluzione che permette di unificare le analisi fin qui svolte. In altre parole il gradimento di queste ultime parti è condizionato dagli assunti che il lettore riterrà irrinunciabili, da quanto rigidamente si intenda la definizione dei processi della teoria dell'evoluzione e da quali condizioni teoriche vengono considerate pienamente esplicative.

Alcune nozioni storiche sono talvolta imprecise, chiare solo nella misura necessaria a comprendere le attuali conoscenze, ed appaiono più lineari e meno problematiche di quanto siano state in realtà. L'apparato filosofico è sicuramente più robusto, con qualche ingenuità nella *bird eye view* conclusiva e con una accettazione piuttosto passiva dei presupposti dell'informazione genetica. Anche se non si accettano tutte le conclusioni tratte, il libro è in ogni caso da considerarsi efficace e completo, sia da un punto di vista scientifico che da quello filosofico-interpretativo, irrinunciabile per quanto riguarda la possibilità di comprendere i nuovi sviluppi della biologia evolutiva.

Daniele Romano

Indice

Prefazione

Ringraziamenti

Prologo

PARTE PRIMA

La prima dimensione

1. Le trasformazioni del darwinismo
2. Dai geni ai caratteri
3. La variazione genetica: cieca, guidata o interpretativa?

PARTE SECONDA

Tre dimensioni in più

4. I sistemi ereditari epigenetici
5. I sistemi ereditari comportamentali
6. Il sistema ereditario simbolico

Intermezzo: un riassunto provvisorio

PARTE TERZA

Ricomporre il puzzle

7. Dimensioni che interagiscono: i geni e i sistemi epigenetici
8. Geni e comportamento, geni e linguaggio
9. Le nuove frontiere del lamarckismo: l'evoluzione dell'ipotesi ben fondata
10. Ultimo dialogo

Note

Bibliografia

Indice analitico

Recensione

Una lunga pazienza cieca. Storia dell'evoluzionismo

Giulio Barsanti

Einaudi, Torino 2005



Il libro di Giulio Barsanti è dedicato alla lunga e complessa storia dell'evoluzionismo. Una storia tutt'altro che lineare, frastagliata e a volte dispersiva nel corso della quale è capitato di sperimentare strade che inizialmente sembravano promettenti ma che poi si sono verificate fallimentari, oppure di raggiungere risultati soddisfacenti dopo aver azzardato ipotesi molto discutibili. L'autore ripercorre tutte le varie teorie che hanno contribuito allo sviluppo dell'evoluzionismo, dando voce non solo ai vincitori cioè a «coloro che imboccarono la strada che la comunità scientifica avrebbe successivamente battuto»¹, ma anche ai vinti, che non uscirono mai dai vicoli ciechi nei quali le loro idee li condussero. La fitta rete che Barsanti cerca di dipanare è costellata di battute di arresto e strade senza uscita.

Mostrare anche questo lato del problema tuttavia è fondamentale secondo l'autore perché le controversie sono il motore del progresso scientifico e perché «la grandezza dei vincitori non emergerebbe se non si conoscesse la statura dei vinti»². Così, i diversi capitoli del libro non rinviano a singoli personaggi ma ad insiemi di teorie: «non poteva essere diversamente perché la ricerca scientifica è sempre una impresa collettiva e quindi, per fare un esempio, una sezione intitolata a Darwin avrebbe inevitabilmente oscurato i contributi offerti, per fare un esempio, da Wallace»³. Barsanti quindi ripercorre la storia dell'evoluzionismo da Maillet a Buffon, da Linneo a Lamarck, da Wallace a Darwin, dando voce non solo a scienziati e naturalisti ma anche a filosofi e letterati. Questa è un'altra peculiarità del libro: la storia dell'evoluzionismo non è filtrata dall'interpretazione di coloro che l'hanno già studiata e raccontata, ma è vista direttamente attraverso i suoi stessi protagonisti. È per questo che l'autore ha costruito il suo libro su frequenti citazioni delle fonti.

Inoltre peculiare è anche l'approccio storiografico di Barsanti. Egli sostiene che la Storia viene spesso ricostruita attraverso uno sguardo retrospettivo ossia partendo dal presente e muovendosi a ritroso. «Il passato viene concepito come passato di questo presente, e quindi l'andamento appare lineare, il progresso cumulativo, la storia meravigliosamente semplice»⁴. L'autore sostiene invece che il suo libro non sia storia del passato, bensì storia nel passato e

¹ Giulio Barsanti, *Una lunga pazienza cieca. Storia dell'evoluzionismo*, Piccola Biblioteca Einaudi, Torino, 2005, p. XII.

² Ivi, p. XIV.

³ *Ibidem*.

⁴ Ivi, p. XIII.



questo per mettere in evidenza che non si incontrano mai geni che anticipano o precorrono ma solo, citando Diderot, umili manovali di esperienze, che riprendono integrano e sviluppano:

È mia convinzione che quando si assume lo stato attuale delle conoscenze come osservatorio per giudicare della verità e dell'errore delle teorie del passato, e quando in particolare si applicano i termini, i concetti e i modelli della scienza contemporanea a episodi cui erano estranei, si ottengono eccellenti ricostruzioni di vicende che non sono mai avvenute⁵.

È per questo che il lungo e articolato cammino della storia è presentato a partire da teorie superate e rivelatesi false ma che a loro modo hanno contribuito ad arricchire le conoscenze, l'ampliamento delle vedute e quindi il progresso scientifico che ha consentito la definitiva costruzione di quel grande mosaico che la storia dell'evoluzionismo rappresenta.

Chiara Erbosi

Indice

Elenco delle illustrazioni

Introduzione

Una lunga pazienza cieca

- I. La terrestizzazione delle forme acquatiche
- II. La catena dell'essere e la redenzione delle specie
- III. Il preformismo e le metamorfosi del prototipo
- IV. Epigenesi e combinazioni di semi
- V. Ibridazione e accumulo di deviazioni
- VI. La degenerazione delle specie
- VII. Confutazioni e stallo
- VIII. La trasformazione delle specie
- IX. Trasformismi

⁵ *Ibidem.*

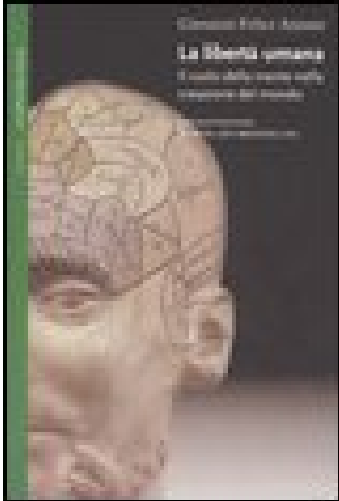


- X. Dall'adattamento alla lotta
 - XI. Divergenza finita e sviluppo progressivo
 - XII. Selezione naturale e divergenza indefinita
 - XIII. Difficoltà e slittamenti
 - XIV. La selezione sessuale e l'origine dell'uomo
 - XV: La selezione sociale
 - XVI. Selezionismi
 - XVII. Ortogenesi, ologenesi mutazionismo
 - XVIII. La nuova sintesi
- Epilogo
- Bibliografia essenziale
- Indice dei nomi

Recensione

La libertà umana. Il ruolo della mente nella creazione del mondo

Giovanni Azzone
Bollati-Boringhieri, 2005



Azzone propone un nuovo modello di organizzazione e funzionamento della mente umana, partendo dalla critica dei concetti più largamente usati per spiegare la transizione dai processi neurofisiologici del cervello ai pensieri della mente. In particolare egli critica l'idea di emergenza, secondo la quale

il tutto è più della somma delle parti: quando entità più semplici si associano per dare origine a entità più complesse compaiono proprietà nuove non spiegabili sulla base delle proprietà delle entità costitutive prese separatamente (p.15).

Alla stessa stregua, viene criticata la tesi che si basa sulla nozione di sopravvenienza, stando alla quale «gli eventi e le leggi delle scienze più complesse» sono sempre derivate «dagli eventi e dalle leggi delle scienze meno complesse», tesi che presuppone l'esistenza di legami ponte fra scienze speciali e scienze generali.

Due sono secondo Azzone i grandi limiti comuni ai concetti di emergenza e sopravvenienza. Il primo è rappresentato dalla loro non-specificità, poichè oltre che al sistema mente-cervello sono stati applicati a tutti i rapporti fra livelli superiori e inferiori. Il secondo invece riguarda il fatto che essi non sono in grado di fornirci alcuna informazione sulle relazioni che intercorrono tra «le proprietà dei processi neurofisiologici del sistema mente-cervello e i suoi prodotti più rilevanti» (p. 16).

Azzone fa notare come per lui (e per molti altri studiosi) una concezione completamente riduzionistica della mente umana non sia in grado di rendere conto di alcuni suoi prodotti specifici, quali i comportamenti volontari, la libertà, la conoscenza oggettiva. Egli ritiene pertanto che la tesi riduzionistica non possa essere accettata in ogni sua parte; se è vero infatti che il sistema mente-cervello, come tutto il mondo naturale, è di natura fisica e quindi chiuso ad influenze di tipo non fisico, ciò non comporta che le attività della mente siano sempre prevedibili sulla base della conoscenza dei processi neurofisiologici. In particolare, Azzone sostiene che cercare di prevedere i comportamenti volontari sulla base dei processi neurofisiologici, è come tentare di stabilire gli eventi dell'evoluzione biologica o gli andamenti dei processi caotici.

L'autore sviluppa la sua tesi avvalendosi di una distinzione, quella tra facoltà orizzontali e facoltà verticali, elaborata da Fodor nel 1988: le prime sono di tipo modulare, e comprendono sia i sistemi percettivi e motori sia quelli deputati alla facoltà del linguaggio; le seconde sono sistemi centrali di interconnessione destinati alle funzioni mentali superiori, quali, ad esempio,



l'elaborazione di desideri e pensieri. Una volta posta questa distinzione, egli sviluppa l'idea di una profonda differenza tra i meccanismi deterministici che governano i sistemi localizzati delle facoltà verticali (che regolano le afferenze sensoriali e motorie), e i meccanismi dei sistemi di interconnessione delle facoltà orizzontali, che egli definisce caotici nonché deputati alla produzione di nuova conoscenza e alla messa in atto dei comportamenti volontari. I comportamenti volontari, a loro volta, possono essere generati soltanto da quelle facoltà orizzontali che sono responsabili dell'intenzionalità.

Il problema che l'autore si trova ad affrontare è quello della compatibilità tra libertà di scelta e obbedienza alle leggi del mondo naturale. Se si vuole evitare un'interpretazione ontologicamente dualista del sistema mente-cervello, responsabile di attribuire i comportamenti volontari a meccanismi di causazione di tipo del tutto diverso da quelli del mondo naturale, bisogna scegliere di percorrere una via alternativa: la libertà umana è considerata da Azzone come il risultato di meccanismi particolari ed esclusivi dei processi neurofisiologici, che sono comprensibili anche se non prevedibili.

Un simile modo di procedere implica il sorgere di un problema di compatibilità fra due tipologie di attività mentali: quella soggettiva dell'intenzionalità e della libertà, e quella oggettiva, prevedibile, delle percezioni e delle sensazioni. Nel suo lavoro Azzone si propone di risolvere questo problema inserendo due tipi diversi di causalità all'interno del sistema mente-cervello: accanto a processi neurofisiologici oggettivamente prevedibili egli ne introduce altri – i processi caotico-intenzionali dei sistemi di interconnessione delle facoltà orizzontali – che operano mediante meccanismi prevedibili solo soggettivamente. In questo modo egli sviluppa un modello caotico-intenzionale del sistema mente-cervello, e lo fa appoggiandosi al concetto di caos deterministico, in virtù del quale la presenza del caos non comporta necessariamente l'assenza di cause oggettive, ma più semplicemente l'incapacità umana di identificarle.

Matteo Leoni

Indice

La libertà umana

Presentazione di Rita Levi Montalcini

Introduzione

Parte Prima: I diversi meccanismi di organizzazione e di funzionamento della mente umana. Il modello caotico intenzionale

Parte Seconda: I comportamenti volontari e le conoscenze acquisite come creazione di un nuovo mondo. I percorsi neuronali preferenziali come processo di autoorganizzazione mentale, pp.

Parte Terza: Alcune alterazioni dei meccanismi di percezione e di conoscenza. Il trattamento delle alterazioni dei comportamenti volontari

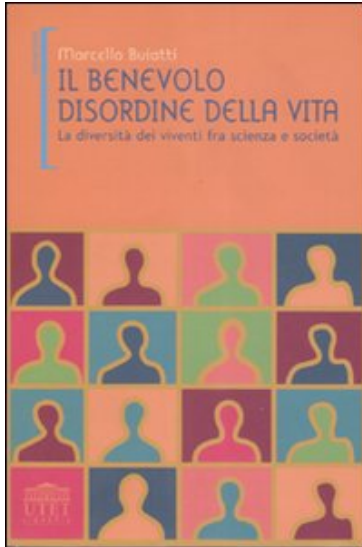


Bibliografia
indice analitico

Recensione

Il benevolo disordine della vita.
La diversità dei viventi tra scienza e società

Marcello Buiatti
Utet Università, Torino 2004



Il libro di Marcello Buiatti *Il benevolo disordine della vita. La diversità dei viventi fra scienza e società* è un elogio della diversità e una critica al processo di omogeneizzazione nel quale l'uomo sta cercando di rinchiudere il mondo vivente. Una pericolosa perdita di variabilità sta investendo non soltanto l'ambito biologico ma anche la sfera mentale, emotiva, culturale e sociale. Testimoni di ciò sono la rapida e continua perdita di specie e di ecosistemi come anche la scomparsa di culture, agricolture, lingue e, più in generale, di quell'immenso patrimonio che è costituito dalla diversità.

Il libro si apre con una breve storia della biologia moderna, dagli studi di Gregor Mendel (1822-1884) fino alla mappatura del genoma umano, «una sequenza lineare di informazioni scritte con un alfabeto di quattro lettere (A, T, C, G)»¹. Poi si passa ad analizzare in dettaglio le varie forme di diversità. Ci sono molti processi che creano variabilità genetica e, tra i vari, le mutazioni che creano ceppi mutanti sono uno dei principali. Gli organismi mutanti sono quelli in cui «almeno un gene è presente nella forma meno frequente nella popolazione cui appartiene»²:

Dato che ognuno di noi ha una altissima probabilità di avere almeno un gene in una forma meno frequente delle altre, si può tranquillamente affermare che ognuno di noi è un mutante a livello dei geni e ancora di più a livello dei singoli nucleotidi. Questo risulta chiarissimo dai dati del sequenziamento del nostro genoma che hanno dimostrato che, se prendiamo due individui a caso e ne sequenziamo i genomi, possiamo aspettarci che siano diversi per una base ogni 1250.

Visto che il nostro genoma è di circa tre miliardi di basi, quelle diverse tra due individui qualsiasi saranno più o meno tre milioni alcune delle quali non possono non essere varianti minoritarie.³

Esistono processi produttori di variabilità che interessano le sequenze del DNA e altre che comportano cambiamenti della struttura dei cromosomi: frammenti che possono essere spostati da un cromosoma all'altro, raddoppiati o persi, ruotati in modo da assumere un ordine inverso. È a partire da questi meccanismi che si crea la diversità necessaria per il

¹ M. Buiatti, *Il benevolo disordine della vita. La diversità dei viventi tra scienza e società*, Utet, Torino, 2004, p. 28.

² *Ivi*, p. 53.

³ *Ibidem*.



cambiamento di generazione in generazione e anche per la formazione di nuove specie. Questa, secondo Buiatti, è la variabilità che conta sui tempi lunghi dei passaggi generazionali e che incide sulle dinamiche e sugli effetti dei processi evolutivi più generali. Gli organismi però, per sopravvivere devono essere in grado di adattarsi anche nei tempi brevi delle singole generazioni. I singoli individui hanno infatti una grande plasticità che può portare alla variazione del fenotipo anche a parità di caratteri genotipici. Esistono pertanto due generi di variabilità. La prima che può essere trasmessa alle generazioni successive e diventare così patrimonio comune della specie; la seconda invece che è spendibile solo durante i singoli cicli e risulta quindi funzionale unicamente alla sopravvivenza individuale.

Buiatti passa poi ad evidenziare come la diversità per gli esseri umani sia dovuta soprattutto alla presenza di un cervello con caratteristiche diverse da quelle degli altri primati:

Noi siamo l'unica specie in grado di proiettare massicciamente all'esterno progetti sempre nuovi di adattamento, e in genere, di cambiamento del mondo, elaborati da menti individuali e collettive. Questi progetti, che all'inizio della nostra evoluzione mentale erano abbastanza simili nelle diverse comunità umane, sono andati poi diversificandosi. Tanto che ora, non a caso, diciamo che ognuno di noi ha un suo progetto di vita, anche se questo cambia continuamente via via che si dipana la sua storia. Abbiamo ora una stupenda capacità di invenzione di progetti, di idee, di pensieri, di espressioni artistiche. Tutto ciò viene da noi trasmesso orizzontalmente ai nostri simili della nostra generazione, verticalmente di generazione in generazione. Abbiamo imparato a comunicare utilizzando linguaggi costituiti da un numero incredibile di combinazioni di parole, ed oltre ai linguaggi parlati, sappiamo usare una infinità di altri mezzi espressivi per trasmettere idee, sensazioni, sentimenti, emozioni. Siamo infine i primi su questo pianeta a saper leggere, scrivere e fare di conto. Questo ci permette da un lato di lasciare a chi ci segue nella vita, almeno parte di quello che abbiamo imparato, inventato, pensato e fatto e dall'altro di accumulare un'inimmaginabile quantità di conoscenze da cui partire per ulteriori approfondimenti⁴.

Il cervello umano, dopo la nascita, cresce di quattro volte rispetto alle sue dimensioni iniziali. La sua crescita è dovuta sia all'aumento in lunghezza sia a quello del numero di ramificazioni di dendriti e assoni o alla formazione di un numero esorbitante di sinapsi la cui rete è fortemente influenzata da pensieri e ambiente che la modificano durante tutto il corso della vita di un individuo. Sono la diversità dei nostri pensieri e la capacità di collegarli in sempre nuove configurazioni che rendono l'essere umano diverso dagli altri primati e gli consentono percorsi mentali che non sono scritti nel nostro corredo genetico ma che influenzano comunque la nostra esistenza. «Da qui l'enorme rapidità con cui avviene l'evoluzione culturale in confronto a quella genetica. Da qui il nostro potere di trasformare il mondo e anche di dominarlo»⁵. Non esiste infatti angolo del Pianeta che non sia stato trasformato direttamente o indirettamente dall'uomo, dai suoi manufatti, dai suoi prodotti, dai suoi rifiuti. L'impronta dell'uomo sulla Terra è ogni giorno più massiccia e schiacciante. Oggi l'ambiente, il mondo e con esso chi ci vive, è diventato solo un substrato da sfruttare, depauperare e su cui esercitare la nostra smania di possesso. In tutto ciò, la biodiversità ha perso il suo valore. Ma essa è un bisogno vitale, uno dei presupposti fondamentali della vita, pena la sua scomparsa. La sfrenata crescita economica, che sembra diventata l'unico scopo dell'uomo, deve trovare un limite nella

⁴ Ivi, p. 165-166.

⁵ Ivi, p. 184.



consapevolezza che la nostra esistenza dipende dal mondo intorno a noi. In un'economia che è sempre più fine a se stessa, la diversità culturale e biologica non trova spazio, schiacciata come è dall'aggressività della specie umana. È per questo che Buiatti conclude il suo libro ricordando che, nonostante la potenza della nostre menti, della nostra scienza e della nostra tecnica, «continuiamo ad essere fatti di materia e delle regole della materia dobbiamo tener conto»⁶. L'imposizione di un unico modello di vita e di trasformazione all'intero pianeta, quello imposto dalle esigenze di continua crescita delle moderne società occidentali, la monocultura estesa a tutto, minaccia di provocare a lungo andare l'autoestinzione della specie umana.

Chiara Erbosi

Indice

Invito alla lettura

Introduzione

1. La macchina e la vita
 - 1 Medici materialisti,
 - 2 Un fisico e i suoi piselli
 - 3 Caso e necessità
 - 4 Computer biologici
 - 5 Eresie?
2. Diversi dentro
 - 1 Ibridi
 - 2 Strutture e incontri
 - 3 Fluidità
 - 4 Ambiguità
- 3 Cambiare per restare vivi
 - 1 Esplorazione e scelta
 - 2 Piccoli mondi
 - 3 Sviluppi
- 4 Puri e bastardi
 - 1 I figlio del re e il trucco di Giacobbe

⁶ Ivi, p. 202.



- 2 Razzismo scientifico: prima della Genetica
- 3 Il baronetto inglese e altri scienziati
- 4 I tre marxismi

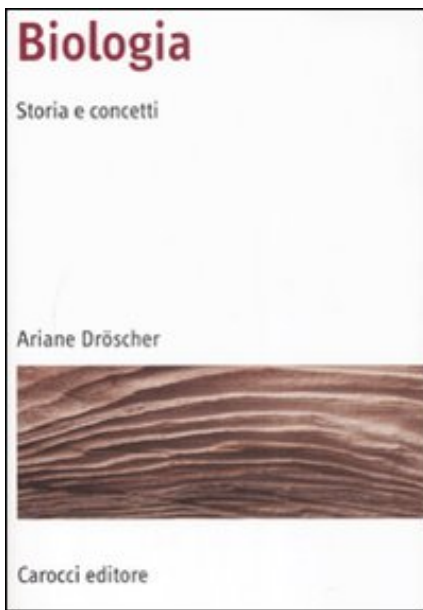
- 5 Diversità umana
 - 1 Le misure della diversità
 - 2 Origini
 - 3 Donne e uomini
 - 4 Variabilità ed espansione
 - 5 Di umani, insetti, contadini
 - 6 Razze o popoli?
 - 7 Cervelli
 - 8 Comportamenti e pregiudizi

- 6 Noi e la diversità
 - 1 Ecosistemi ed estinzioni
 - 2 Agricolture e culture
 - 3 Monocultura virtuale

Bibliografia

Recensione
Biologia. Storia e concetti

Arianne Dröscher
Carocci, Roma 2008



Cos'è la vita? Quale risposta può fornire la biologia a un simile quesito? Le scienze biologiche non sono un campo di ricerca monolitico, esse si costituiscono di molteplici discipline in grado di far variare il proprio campo d'indagine dal macro-mondo a quello microscopico, mantenendo quale denominatore comune l'interesse per la vita e per gli innumerevoli fenomeni che la contraddistinguono. A partire dalla complessità del proprio campo di ricerca, lo sviluppo delle scienze biologiche si è contraddistinto per una certa autonomia rispetto a quello delle altre discipline scientifiche, faticando nel trovare un proprio percorso organico contraddistinto da una metodologia condivisa e da un quadro concettuale unitario e universale.

Il manuale di Arianne Dröscher restituisce tutta la complessità che si cela sotto lo studio della biologia, mostrando la grande quantità di problemi epistemologici che ne hanno contraddistinto il cammino e che tutt'ora ne contraddistinguono lo sviluppo. L'opera si caratterizza per un'impostazione tematica, in funzione della quale il progresso storico della biologia viene affrontato a più riprese, a partire da prospettive e interessi diversi. Del resto, la stessa articolazione interna che contraddistingue le discipline biologiche non si presta a una narrazione univoca e lineare. Dalla *sistematica* alla *teoria dell'evoluzione*, dai problemi legati alla scelta dei principi di *catalogazione naturale*, a quelli concernenti la possibilità di una *modificazione delle specie* basata sulla *selezione* degli individui, sono molti, e diversi tra loro, i temi che richiedono di essere trattati all'interno di un quadro comprensivo degli studi biologici.

Nel libro di Arianne Dröscher i temi e i problemi della conoscenza biologica sono presentati attraverso la ricostruzione delle domande e delle risposte che hanno mosso lo sviluppo della ricerca nel corso dei secoli. Al taglio storico che caratterizza l'opera, si affianca un'accurata attenzione per le questioni di ordine epistemologico che contraddistinguono i diversi settori della biologia. Muovendo dall'originaria frammentazione metodologica che ha caratterizzato le scienze della vita nella loro fase iniziale, passando attraverso il complesso rapporto che da sempre lega le scienze della vita alla fisica e alla chimica, l'autrice si sofferma nel descrivere le originali idee e le figure che con il loro contributo hanno permesso l'emancipazione e lo straordinario progresso che oggi tutti riconosciamo alle scienze biologiche.

Di particolare interesse è l'analisi contestuale che spesso accompagna l'esame delle questioni epistemologiche. Oltre a fornire un affresco dei sistemi concettuali alla base dei diversi settori



della biologia, il manuale di Arianne Dröscher si rivela particolarmente sensibile nei confronti di temi a carattere storico-sociale. L'attenzione per la formazione culturale, le idee politiche e il quadro sociologico all'interno del quale operano i numerosi protagonisti della storia della biologia consente di allargare il contesto in cui collocare i grandi problemi delle scienze della vita, favorendone la comprensione indipendentemente dal solo interesse scientifico. Nell'insieme, l'intreccio tra storia, sociologia e analisi epistemologica rende l'opera un'introduzione adatta a diverse competenze e obiettivi di ricerca. Ogni capitolo si apre con la descrizione delle principali categorie di riferimento utilizzate all'interno del dibattito filosofico-scientifico, il lettore non esperto sarà così accompagnato nei problemi legati alla definizione di cos'è una *teoria scientifica*, una *rivoluzione scientifica* e più in generale nei problemi connessi alla *matematizzazione* dei fenomeni naturali.

Tale impostazione permette di apprezzare su più livelli le difficoltà che la biologia riscontra nella ricerca di *principi universali* validi per ogni fenomeno vitale. Il confronto tra spinte riduzionistiche e anti-riduzionistiche, presente fin dagli albori dell'indagine biologica, si delinea come il filo rosso che sottotraccia e unisce i diversi campi d'indagine, portando alla ribalta il problema della *selezione* e della *quantificazione* delle proprietà naturali. Una questione che, dall'epoca di Cartesio e dei primi modelli meccanicistici, fino agli attuali sviluppi della biologia molecolare, sembra non aver abbandonato mai la ricerca biologica.

Concepire la vita come un *fenomeno autonomo*, rispetto alla comprensione del quale occorre impiegare concetti originali, senza ricorrere a quelli sviluppati all'interno di altre discipline, è la sfida lanciata dalla multiforme articolazione con la quale si presenta il mondo della vita. L'attenzione per l'interazione tra processi chimici ed effetti ambientali ha generato oggi un particolare interesse per lo sviluppo di sistemi concettuali in grado di comprendere l'elevata *complessità* dei fenomeni biologici, il raggiungimento di tale obiettivo si presenta come uno dei temi più interessanti all'interno del dibattito contemporaneo. Dalla definizione della *sintesi moderna*, che unisce il pensiero darwiniano alle metodologie dell'indagine genetica, il tentativo di delineare un quadro coerente in grado di trattare univocamente processi macroscopici e microscopici, ma anche fenomeni individuali e popolazionali, si presenta come il campo di ricerca più florido e al contempo filosoficamente più controverso della biologia contemporanea.

Il manuale di Arianne Dröscher permette di ricostruire il lungo percorso che ha condotto le scienze della vita fino ai giorni nostri, lasciando emergere le molteplici radici storiche e concettuali che contraddistinguono i problemi irrisolti della biologia contemporanea. Il taglio introduttivo, accompagnato da una certa prudenza nel trattare le questioni etiche e sociali che contraddistinguono alcuni settori dell'indagine biologica, la spiccata attenzione per l'indissolubile intreccio tra contesto sociale e ricerca scientifica, nonché l'apparato bibliografico basilare che accompagna ogni capitolo, fanno di quest'opera uno strumento adatto non solo a studenti di filosofia della scienza, ma anche a cultori di altre discipline che, per interessi diversi, intendano confrontarsi con il pensiero che nei secoli ha guidato lo studio del multiforme mondo dei fenomeni vitali.

Silvano Zipoli Caiani



Indice

1. Le origini

1.1 Quando le scienze diventano moderne

1.2 Biologia: il difficile parto di una disciplina moderna

Approfondimenti

2. La collocazione della biologia tra le scienze mediche e naturali

2.1 Abbracci e ripicche: la biologia e la fisica

2.2 La natura si esprime in numeri e geometrie? La biologia e la matematica

2.3 Un confine conteso: la biologia e la chimica

2.4 Fidanzati spesso infedeli: la biologia e la medicina

2.5 L'unità della scienza!?

Approfondimenti

3. Metodi

3.1 Cosa distingue una scienza da una non scienza

3.2 Osservare

3.3 Collezionare e ordinare

3.4 Sperimentare

Approfondimenti

4. Forma e Funzione

4.1 Funzioni vitali

4.2 Organizzazione

Approfondimenti

5. Tempo e Spazio

5.1 Evoluzione

5.2 Variabilità

Approfondimenti

6. Principio e Continuità

6.1 Origine

6.2 Ereditarietà

Approfondimenti

Epilogo: "Questo lo può spiegare solo un biologo!"

Approfondimenti

Recensione

**Forme del divenire. Evo-devo:
la biologia evoluzionistica dello sviluppo**

Alessandro Minelli
Einaudi, Torino 2007



Il libro di Minelli costituisce una utile e sintetica introduzione alla biologia evoluzionistica dello sviluppo (approccio *evo-devo*), un programma di ricerca che si situa alla convergenza tra la teoria dell'evoluzione per selezione naturale e la biologia molecolare. L'approccio *evo-devo* propone di considerare i meccanismi genetici preposti allo sviluppo degli organismi viventi per limitare le spiegazioni di tipo selezionistico e allontanare ogni possibile riferimento di carattere finalistico. Il libro si articola in quattro sezioni, in cui vengono analizzate le nozioni fondamentali del metodo comparativo in zoologia (Prima Parte), e i limiti dell'analisi genetica nella ricostruzione dell'evoluzione delle specie viventi (Seconda Parte). Viene poi proposta una visione pluralista delle nozioni della morfologia comparata (Terza Parte), mentre l'ultima parte (Quarta Parte) è dedicata a creare un collegamento tra

biologia dello sviluppo e biologia evoluzionistica a partire dallo studio di alcuni particolari casi di novità evolutive.

Il libro inizia dall'osservazione che, nell'analisi dell'evoluzione delle specie viventi, alcune strade immaginabili non vengono mai seguite. Il numero delle vertebre nel collo dei vertebrati, per esempio, è quasi sempre uguale a sette. Questo vincolo non è spiegabile in termini di teoria dell'evoluzione per selezione naturale – si potrebbero benissimo immaginare organismi dotati di un collo con otto vertebre –, ma per il fatto che la posizione di ciascuna vertebra del collo è determinata da importanti fattori di sviluppo collegati anche allo sviluppo di altri organi, cosicché deviazioni nel processo di formazione delle vertebre del collo sono abbinate a patologie gravi, letali per l'individuo.

Così:

Non è detto che l'assenza dell'altra [linea filogenetica immaginabile] ci possa spiegare la selezione naturale [...]. È possibile, invece, che la nostra attenzione debba rivolgersi in prima istanza ai meccanismi di sviluppo responsabili della generazione delle forme viventi.¹

Tali meccanismi di sviluppo non sono guidati dai geni in maniera meccanica. In passato si credeva che la formazione di un organo fosse determinata da un gene principale, il *master*

¹ Pag. 24.



control gene. Adesso, invece, si ritiene che «l'insieme dei geni la cui espressione è necessaria per la realizzazione di un determinato organo non ha quella semplice e rigorosa struttura gerarchica che la nozione stessa di *master control gene* presuppone»². I geni collaborano tra loro nella formazione di un organo, e i rapporti tra di loro non sono di tipo gerarchico, ma reticolato. Il valore di un singolo gene nel processo di sviluppo di un determinato carattere deve quindi essere ridimensionato e messo in relazione all'attività degli altri geni e all'ambiente.

La *vulgata* della teoria della selezione naturale si basa invece su «l'esistenza di un programma genetico ereditabile, dal quale dipendono le caratteristiche di tutti gli organismi»³. Sopravvalutare l'importanza del programma codificato nei geni rispetto al processo di sviluppo introduce però un elemento finalistico nella genetica e conduce a una «concezione ingenua, prescientifica, che privilegia l'adulto come la condizione "vera", legittima, nella quale i caratteri della specie sono pienamente dispiegati, mentre riduce le altre tappe dello sviluppo a semplici stati preparatori»⁴. Ciascun organismo, invece, deve essere considerato come «il risultato, contingente e provvisorio, di una storia che forse andrà avanti»⁵. Il valore adattivo di eventuali modifiche al patrimonio genetico di un individuo deve essere misurato in relazione allo stesso individuo nel momento in cui tali modifiche avvengono, e non in relazione a un possibile ruolo che svolgeranno in futuro nella sua vita. Non ha quindi senso assumere una legge come quella di Haeckel, in base alla quale l'ontogenesi ricapitola la filogenesi:

C'è da attendersi che la selezione naturale tenda ad essere alquanto conservativa nei confronti della struttura dell'adulto, al quale è di norma affidata la riproduzione, mentre potrebbe essere meno stretta per gli altri stadi di sviluppo, a patto che le innovazioni non abbiano ricadute negative sull'organizzazione e le capacità riproduttive dall'adulto.⁶

La considerazione dei vincoli che caratterizzano i meccanismi di sviluppo porta a rivisitare molti concetti abituali della biologia. In particolare, un gene non deve essere più considerato come un elemento legato indissolubilmente allo sviluppo di un tratto, ma come una struttura complessa che influisce in modo non lineare sui meccanismi di sviluppo dell'individuo. Conseguentemente i tratti morfologici non devono essere più identificati secondo la loro posizione e funzione, ma a partire dal processo di sviluppo che li ha generati.

Mettendo poi in relazione allo sviluppo di un individuo le diverse possibilità di promulgazione di una specie - delle quali la riproduzione sessuata costituisce solo una variante - vengono a essere ridefiniti anche i concetti di riproduzione, accrescimento, sviluppo, rigenerazione, e si giunge alla considerazione che «i confini tra questi fenomeni non sono poi così netti, come troppo spesso ci farebbe comodo credere»⁷. In modo parallelo, anche la nozione di individuo smette di avere quel valore universale che le siamo soliti attribuire:

² Pag. 52.

³ Pag. 58.

⁴ Pag. 75.

⁵ Pag. 77.

⁶ Pag. 150.

⁷ Pag. 113.



Quello che siamo soliti considerare come una categoria generalizzabile all'intero regno animale è solo uno dei possibili risultati a cui si può pervenire, attraverso una selezione dei più adatti fra i diversi prodotti che i meccanismi di sviluppo sono in grado di fornire.⁸

Un altro concetto che va incontro a revisione è quello di omologia, abitualmente definito come «la corrispondenza che esiste tra due strutture di organismi diversi, nella misura in cui esse sono riconducibili alla struttura del loro *ultimo* antenato comune»⁹. L'omologia viene invece adesso fissata dai «comuni meccanismi condivisi dai processi di sviluppo attraverso i quali le strutture omologhe vengono realizzate»¹⁰. Questo fa sì che «due strutture messe a confronto potranno essere omologhe secondo certi criteri, mentre non lo saranno secondo altri»¹¹. Infatti «il legame tra una determinata posizione e una determinata struttura che vi si differenzia tende ad essere largamente conservato nel corso della storia evolutiva, ma non si tratta di un legame necessario e indissolubile»¹², e può essere scisso anche solo parzialmente. Relativizzare in senso fattoriale o combinatorio la nozione di omologia impone una maggiore consapevolezza sul ruolo che lo scienziato ha nell'analisi delle strutture di un organismo: «l'organogenesi rappresenta una comoda rubrica in cui noi collochiamo dei vistosi segmenti temporali di un fascio intrecciato di fenomeni morfogenetici elementari operanti in uno stesso distretto corporeo»¹³, e dopotutto «questa operazione potrebbe essere effettuata in molti modi differenti»¹⁴.

La logica evuzionistica dello sviluppo sfuma quindi i concetti tradizionali della biologia, li declassa dalla posizione di categorie generali universalmente valide, per definirli in relazione a scelte evolutive contingenti e temporalmente determinate. La nozione stessa di sviluppo, tuttavia, può essere analizzata in modo nuovo, poiché può essere considerata il bilanciamento tra spinte di cooperazione e di competizione. Alla luce di questa considerazione, si possono rivedere altre nozioni della biologia, come quella di specie, costituita dall'insieme di individui, compatibili da un punto di vista riproduttivo e in competizione tra loro per avere una propria discendenza. Anche se solitamente ignorata, una chiara competizione per le risorse esiste tuttavia anche tra le cellule di uno stesso organismo: «queste forme di competizione sono particolarmente nette quando l'animale si trova in una fase durante la quale non assume cibo ma vive solo a spese delle risorse che ha a disposizione»¹⁵, come nel caso delle uova e degli embrioni. Molti esempi legati a organismi piuttosto semplici mostrano come lo sviluppo di un organismo sia strettamente collegato alla collaborazione e alla competizione tra cellule della linea somatica che costituiscono il corpo dell'individuo e gli permettono di alimentarsi e riprodursi, e quelle della linea germinale, che passeranno il proprio DNA ai discendenti dell'organismo.

Così:

⁸ Pag. 110.

⁹ Pag. 117.

¹⁰ *Ibid.*

¹¹ Pag. 120.

¹² *Ibid.*

¹³ Pag. 126.

¹⁴ Pag. 123.

¹⁵ Pag. 163.



La competizione tra parti diverse di uno stesso individuo che si sta sviluppando è un fenomeno universale. Ma è difficile accorgersene, finché si resta legati alla [...] convinzione che ciò che conta in biologia è soprattutto l'individuo, e [...] che lo sviluppo esista solo allo scopo di costruire l'adulto.¹⁶

Lo stesso principio di competizione può essere applicato anche per spiegare la differenziazione tra linee filogenetiche relativamente a un dato tratto morfogenetico: infatti «lo spendere di più nella realizzazione di un organo può comportare una riduzione nelle risorse a disposizione di altri parti del corpo»¹⁷. L'evoluzione degli esseri viventi può così essere letta come l'interazione tra la programmazione genetica e fattori locali derivati dalla collaborazione e dalla competizione tra strutture diverse a cui la sintesi proteica innescata dai geni ha dato vita:

Gli esseri viventi che popolano il nostro pianeta si trovano, dunque, all'incrocio tra due logiche, quella dello sviluppo e quella dell'adattamento evolutivo. Entrambe devono essere soddisfatte e poca strada riusciamo a fare se cerchiamo di leggere la storia delle forme biologiche solo in termini di espressione genica e di variazioni delle sequenze alleliche.¹⁸

Solo conoscendo le dinamiche più complesse legate a queste relazioni sarà possibile comprendere la complessità dei meccanismi di evoluzione delle specie viventi. Un'analisi dello sviluppo dovrà allora concentrarsi intorno alle *eterocronie*, cioè ai cambiamenti nella sequenza temporale dello sviluppo, che possono far sì che «moduli che in precedenza non avevano modi di interferire tra loro possono trovarsi esposti a nuove possibilità di interazione, e ne potranno derivare processi e strutture del tutto nuovi»¹⁹. Dovranno essere considerate anche le *eterotopie*, cioè «cambiamenti nella disposizione spaziale dei diversi moduli»²⁰. La concentrazione sullo sviluppo da parte dell'approccio evo-devo inserisce così nuovi elementi di valutazione del quadro delle teorie dell'evoluzione delle specie viventi.

Marco Fenici

Indice

Prefazione

FORME DEL DIVENIRE

Forme e numeri

Costruire la forma

Concetti in crisi

Origini

¹⁶ Pag. 157.

¹⁷ Pag. 172.

¹⁸ Pagg. 204-205.

¹⁹ Pag. 202.

²⁰ Pag. 203.

Recensione
Gli inizi della genetica in Italia

Alessandro Volpone
Cacucci Editore, Bari 2008

Il volume costituisce un fondamentale contributo agli studi storici in un settore fino ad oggi poco affrontato come quello della genetica. Esso si inserisce in quel filone di studi che pongono al centro dell'attenzione gli sviluppi della scienza nei contesti nazionali, permettendo così di cogliere peculiarità spesso molto significative. Nella sua struttura il volume, che affronta lo sviluppo degli studi di genetica in Italia nella prima metà del Novecento, consta di due parti, corrispondenti a due distinte concettualizzazioni. La prima parte - *La mendelizzazione degli studi sull'eredità nei viventi* - si occupa delle realtà sia conoscitive che pratiche esistenti sul territorio italiano che possono essere descritte in termini di vere e proprie "tradizioni" e che l'autore sintetizza come appartenenti a quattro settori: gli studi sull'evoluzionismo; gli studi su fisiologia e citologia; gli studi nell'ambito antropologico e biomedico; le prassi di ibridazione seguite in agricoltura e nell'allevamento degli animali. Volpone evidenzia come nei primi anni del Novecento - è del 1903 la prima citazione italiana delle leggi di Mendel (p. 12) - le sopraccitate "tradizioni di studio" attuino, sulla scia della "riscoperta" delle leggi di Mendel, un progressivo sviluppo di un nuovo quadro interpretativo. Volpone definisce così l'"analisi mendeliana" come un percorso che struttura in modo nuovo gli approcci esistenti ai temi dell'"eredità nei viventi". Questo approccio conoscitivo corrisponde quindi ad un primo periodo di sviluppo della genetica in Italia. Non è qui possibile sintetizzare tutti gli intrecci interdisciplinari che l'autore ha preso in considerazione. A titolo esemplificativo possiamo focalizzare l'attenzione su come il tema dell'eredità sia stato affrontato dagli studiosi dell'uomo (antropologi, medici, eugenisti). In questa direzione risulta particolarmente significativa la figura dello psichiatra Enrico Morselli che Volpone segue nel suo sviluppo scientifico e culturale: dal primo interesse per Darwin e per gli studi sull'ereditarietà alla successiva fase caratterizzata dalla "adesione all'eugenica" (p. 175) e dalla "opposizione al mendelismo" (ibid.). Il "ritorno" all'opera di Bénédicte Morel è condizione per Morselli per "conservare l'idea di progresso e, al contempo, quella di regresso nella trasmissione dei caratteri ereditari, all'interno della specie umana" (p. 176). Con l'attenzione dello storico, giustamente Volpone coglie, attraverso al figura di Morselli, una delle contraddizioni nello sviluppo scientifico italiano:

Probabilmente, la situazione in Italia è piuttosto confusa se un positivista laico come Morselli, sostenitore di vecchia data del Darwinismo, arriva ad esaltare uno studioso che sostiene che l'uomo "vero" è quello del libro della Genesi [...] ¹

La seconda parte del volume - *La morganizzazione dell'indagine sui cromosomi* - affronta un altro aspetto strutturale della conoscenza scientifica nel campo della genetica: la teoria

¹ Ivi, p. 178.



cromosomica dell'ereditarietà di Thomas H. Morgan. Si ha così, nei primi decenni del ventesimo secolo, un ulteriore sviluppo negli studi sui temi della genetica che Volpone indica appunto con il termine "morganizzazione". Per l'autore questa fase costituisce "una ristrutturazione del quadro interpretativo in seno alla disciplina dell'ereditarietà". In sintesi, questi delinea un quadro veramente ampio degli inizi della genetica in Italia comprendendo in essi, come abbiamo visto, anche i rapporti con le tradizioni della "produzione" e l'intreccio di queste con lo sviluppo di nuclei teorici prima con la loro rilettura in chiave mendeliana, e successivamente con la strutturazione degli studi nell'ottica cromosomica, nuclei che andranno a costituire la "genetica classica" e che risulteranno normalmente accettati a partire dagli anni trenta. Il volume ha il pregio di correlare gli sviluppi degli studi in questo particolare settore scientifico con la complessa situazione italiana che nella prima metà del ventesimo secolo era caratterizzata da numerosi fattori che la rendevano fortemente peculiare. Come ricorda Di Giandomenico nella prefazione, tali fattori sono descrivibili in termini di "emergenze nazionali"; "incertezze istituzionali" e "grandi rivolgimenti sociali".

Matteo Borri

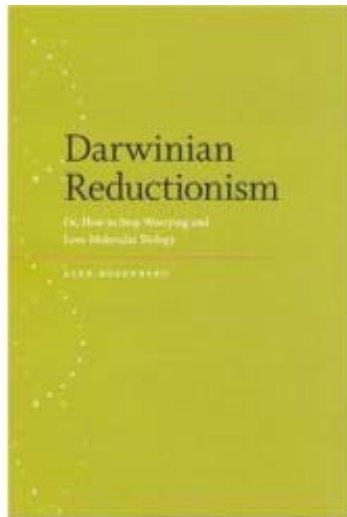
Book Review

Darwinian Reductionism

Or how to Stop Worrying and Love Molecular Biology

Alex Rosenberg

University of Chicago Press, 2006



Could the *science of life* be considered an independent research field? What about the promising successes achieved by molecular biology during the last fifty years? The massive recourse to methodologies derived from physics and chemistry that characterize the recent biological development calls into question its own autonomy from a more basic level of knowledge, giving rise – within the scientific and philosophical community – to both *enthusiasm* for renewed reductive perspectives and *alarm* for the loss of independence of our conception of life.

After the molecular revolution – which took place in 1953 when *Nature* published the famous Watson & Crick's article about the structure of Deoxyribose Nucleic Acid (DNA) –, it

has become clear that we need to determine whether biology should be considered an independent research field or, rather, only a complex conceptual construction quickly reducible to some more basic knowledge.

This condition has promoted a sort of ideological dualism, represented by the conflict between *reductionists* and *anti-reductionists*. The former convinced of the possibility and desirability of a complete translation of all biological knowledge into a more basic framework, the latter contrary to a conception of biology that does not recognize its intrinsic autonomy.

With his book, Alex Rosenberg tries to defend the reductionist paradigm against the anti-reductionist challenge; by analyzing in detail some of the most important problems for a molecular approach to the domain of the natural phenomena of life, he tries to solve the puzzle represented by the reductive strategy for an evolutionary formulation of biology.

Besides the epistemic limits concerning the actual development of our knowledge, the reductionist project – as reminded in the first chapter – suffers from another important limit, which is very well expressed by Dobzhansky's dictum "Nothing in biology makes sense except in the light of evolution". How could it be possible, in fact, to re-define the evolutionary theory and its central Darwinian core represented by natural selection into a more basic scientific framework only through the aid of physical, or chemical, concepts? This is the question that moves Rosenberg's work toward the definition of a non-naïve reductive strategy, capable of considering the evolutionary epistemic peculiarity of biology.

Unlike Nagel's, Rosenberg's reductive strategy does not seek for bridge laws between biology and other sciences, because he assumes in the first place that there is a *structural diversity* between physics and the science of life. For Rosenberg, the absence of a functional



formulation of biology does not allow the implementation of a “classical” reductionist procedure based on the translation of a law to another more basic law, or set of laws.

To reconfigure the debate about reduction is the main aim of the eight chapters of Rosenberg’s book. Once avoided the functionalist neo-positivist conception of reductionism, what the author is interested in is to defend an explicative conception of molecular biology, considered as the best research program capable of providing a deeper and complete explanation of all biological phenomena. Introducing the analysis of developmental biology, Rosenberg rejects the claim that satisfying the reductionist project leads necessarily to some loss of biological understanding. Within Rosenberg’s analysis, developmental biology appears to be the main field of research, where the success of the molecular approach shows all its explicative power. Historical *mysteries* concerning, for example, the process of multi-cellular fertilization, embryogenesis and maturation, find in the molecular approach a new experimental and scientific dimension. Molecular biology allows the identification of the micro-mechanisms whereby cells manifest their developmental capacities, and it does this without having to attribute intentional properties to non-intentional systems like cells or biological processes.

The surprising results obtained in the study of the fruit flies’ *eyeless gene*¹ and of its homologue (found in mice) show how the role of molecular genetics is important for the explanation of developmental processes. The inexplicability, within a macro-biological domain, of several experiments on the process of eye formation and localization, as well as the puzzling presence of genetic homologues among different species, are, for Rosenberg, an indisputable evidence of the major explicative power of a molecular approach to the phenomena of life.

Rosenberg analyzes another important argument against the reductionist project by distinguishing the reductive program from the eliminativist thesis. Far from sustaining the elimination of terms referring to a non-molecular level of description, Rosenberg instead claims that reductionism is a research field rooted in a piecemeal and opportunistic fashion, capable of providing more explicative and predictive solutions than other strategies. Here, probably, Rosenberg’s conception “falls” into an ideological formulation of reductionism, without clarifying the actual epistemic role assigned to a non-molecular biology. If what Rosenberg’s reductionism denies is that there are distinct causal properties that are not open to identification at a (macro) molecular level, what is not perfectly clear is the specific kind of knowledge that a non-molecular biology could bring within a reductionist framework. So, why not trying to extend the reductionist program to all biological terms? This doubt still remains after Rosenberg’s analysis of the epigenetic challenge to genetic-centrism. If in all cases it’s the stability of genes, at a molecular level of description, that explains phenomena concerning the interaction between an organism and its environment, then there are no grounds for contributions from a non-molecular context.

Another fundamental target of Rosenberg’s work is to defend the legitimacy of the notion of gene. Assuming that the concept of gene is not a “natural kind”, the author proceeds with his pragmatic approach, according to which the absence of a list of natural features permits a

¹ The *eyeless gene* is a control-gene whose activation is necessary and sufficient to activate some groups of other genes and start the production of a cascade of proteins involved in the formation of a fly’s eye.



relational definition of the notion of gene. Is the role of natural selection – that Rosenberg considers to be crucial here – influencing the methods for individuating genes as local outcomes of a continuative evolutionary process?

For Rosenberg, natural selection appears to be of primary importance in biology also for another reason. Recognizing natural selection as the only and fundamental law of biology is, in fact, for him, the main way to contrast the challenge of anti-reductionism, consisting in the claim that biology embodies no laws, or other generalizations, suitable for a reductive explanation. By defining the Principle of Natural Selection (PNS) as the assumption for which *if there is random variation among replicators, then there will be selection for differences between them, or between their interactors*, Rosenberg intends to demonstrate the historical and explicative nature of biology. He takes PNS as the unique and fundamental law of biology, that is: he claims that biology became an historical discipline when the laws of progressive chance were found and codified in the Darwinian theory of natural selection. For Rosenberg, the defense of a reductionist approach depends on whether or not we are able to reduce PNS to a molecular level of description. As observed by Rosenberg himself, if the anti-reductionists can show that the PNS by itself demands an approach to biology which is not compatible with the reductive project, then that would make reductionism an indefensible perspective.

The strategy adopted by Rosenberg consists of showing how it is possible to conceive Natural Selection as a physical process describable at a macro molecular level, and how this can be physically explained. Starting with the description of a set of atoms, interacting according to the laws of chemistry, to compose other more complex molecules, Rosenberg is able to retrieve a notion of a natural selected system, drawing the attention to the *stability* of the molecular system compared to the environment. Moreover, increasing the complexity of the molecular interaction makes it possible to predict the formation of self-replicant macro-molecules, that maintain a proper selective character, some of which approximate an optimal environmental combination of stability and replication. The result is for Rosenberg the spontaneous selection of the fittest molecules, permitted only by laws of chemistry no further reducible.

What's important to notice here is that Rosenberg's reductionism does not require that PNS should be explained by a process of selection at the immediately lower level, instead, what Rosenberg does require is only that, wherever selection operates, it could be eventually explained at some level in the succession of the reductive process, and that a description of the natural selective process at the macro-molecular level is possible, in principle.

In the last part of his book, while defending his reductive stance, Rosenberg also faces – besides the epistemological issues – some of the most salient problems that genetic reductionism involves. If on the one hand he shows a moderate approach to socio-deterministic properties ascribable to genetics, on the other hand he attributes the fundamental power of shedding light and guiding the research on how some aspects of our social behavior emerge to the genetics analysis. Examples concerning social instincts present in animals without linguistic abilities, or the hypothesis concerning a genetic involvement in cases of socio-cognitive deficits, appear, to Rosenberg, evidence of how the influence of genetics shapes the organization of our social life.



In the past few years, the general increase of endorsement for reductive strategies – for example from developmental biology, physiology and medicine – has given rise to several problems in bioethics, which appear to be of great importance to the public opinion, and that, for Rosenberg, risks to generate confusion about the real aims of genetic and molecular biology. Questions concerning the actual availability of genetic deterministic-diagnoses, or the naïve hypothesis of a one to one correlation between specific human features and specific genetic situ, are the challenges that the community of biologists is called to face today, and upon which the future development of molecular biology may depend.

Silvano Zipoli Caiani

Table of Contents

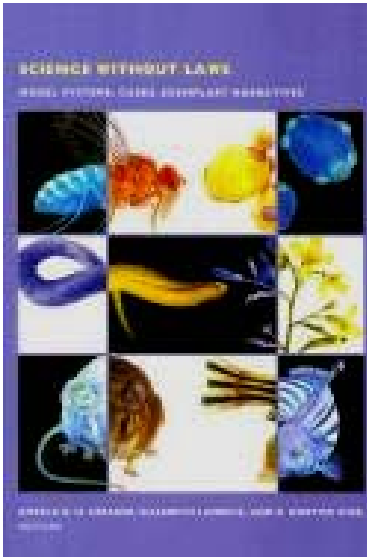
Introduction: Biology's Untenable Dualism

1. What Was Reductionism?
2. Reductionism and Developmental Molecular Biology
3. Are There Really Informational Genes and Developmental Programs?
4. Dobzhansky's Dictum and the Nature of Biological Explanation
5. Central Tendencies and Individual Organisms
6. Making Natural Selection Safe for Reductionists
7. Genomics, Human History, and Cooperation
8. How Darwinian Reductionism Refutes Genetic Determinism

Book Review
Science without laws

Model systems, cases, exemplary narratives

Angela N. H. Creager, Elizabeth Lunbeck and M. Norton Wise Duke
University Press, Durham 2007



The text deals with the construction of knowledge in specific domain such as biology, geology, medicine and history. Can a biological model system be such an adequate and explanatory tool (object) to understand how a certain knowledge is built in a peculiar discipline?

Facing different aspects in the field of Biology, Simulations and Human Sciences the authors propose the reader a wide number of examples to think about. In every single case the rise of peculiar aspects is related to a lucid and interesting discussion. The *Biology* section starts with an article by Marcel Weber (*Redesigning the Fruit Fly: the Molecularization of Drosophila*, pp. 23-45) The author states that “the main advantage responsible for *Drosophila*’s reproduction success in molecular laboratories lies in the enormous *experimental*

resources associated with this organism” (24). When describing “how the first *Drosophila* genes were cloned”, Weber stresses that “cloning techniques transformed the gene from an abstract entity characterized by the phenotypic effects of mutations [...] into an object of direct experimental intervention” (38).

In *Wormy logic: Model Organisms as Case-Based Reasoning* by Rachel A. Ankeny (pp. 46-58), the leading idea is about “conceptualizations of model organisms as model”, that is to re-define the epistemological issues that cause a shift from a biological description (a so-called “case-based reasoning”) to the aspects of modeling, focusing on the epistemic process. Starting with the analysis of the nematode worm *Caenorhabditis elegans* Ankeny philosophizes on model organisms and their features “that serve as cases mediate between theory and the world [...] and come to be used in a tool-like manner to perform a range of tasks, perhaps the most important of which is establishing a framework within which to ask questions” (55).

E. Jane Albert Hubbard (*Model Organisms as Powerful Tools* pp. 59-72) proposes her way of analyzing the utility of model organisms in biomedical research. Model organisms are powerful tools: “starting with a phenomenon of interest to the investigator, the investigator chooses an organism that permits a great depth of understanding of the phenomenon” (60).

Last but not least, the article by Susan Sperling (*The Troop Trope: Baboon Behavior as a Model System in the Postwar period* pp. 73-89) switches the focus from a micro to a macro-level. The baboons as a “legitimate object of ethnographic/ethological study” offer a case-study from an evolutionary, model-systems based perspective. The article continues talking about data that primates’ observation had produced, in terms of “behavior of diverse species”.



Naomi Oreskes opens the second part of the book – about *Simulations* – with her article *From scaling to simulation: Changing Meanings and Ambitions of Models in Geology* (pp. 93-124). Models in geology shifted from a physical model to mimetic, theory models. And the shift brings in itself problems of scaling – “asking whether it was possible to capture the earth’s capacities on human scale – as well as those of method of hypothesis – asserting that demonstrating the potential of a causal agent did not prove its actual existence or effect” (93). The predictive modeling in earth sciences (see p. 120) is an epistemic knot even for the article by Amy Dahan Dalmedico (*Models and Simulations in climate Change: Historical, Epistemological, Anthropological and Political Aspects*, pp. 125-156). The epistemology of models had changed from the early 1930’s to the 1980’s onward. The author states that “in order to understand how scientific practices and knowledge results relate to each other, the construction of models needs to be historicized through a study of its workings and functions in different historical configurations of scientific research” (126). In the last paragraph of his work – *Anatomy of an Antireductionist Methodology* – the author proposes “three new epistemological aspects” that would “finally confirm the discrepancy [...] between the older epistemological discourse and contemporary model practices” (151-152). *The Curious Case of the Prisoner’s Dilemma: Model Situation? Exemplary Narrative?* closes the second part of the volume. Here Mary S. Morgan analyzes proper problems of the game theory.

Human science is the last section of the book. One of the leading concepts of this part is that of “extracting the universal from the particular” (12). So, the dynamics of the case history in psychoanalysis are the main theme of the work by John Forrester (*The psychoanalytic Case: Voyeurism, Ethics, and Epistemology in Robert Staller’s Sexual Excitement* pp. ???). Moving from single case to group case, the article by Clifford Geertz (*To Exist is to have Confidence in One’s Way of Being: Rituals as Model Systems* pp. 212-224) states that certain rituals – as the obligatory ones i.e. – can be assumed as model systems. “And it is for that reason that so many anthropologists, anxious to break into other imaginaries, have found in one or another instance of it [the ritual] [...] a strategic and convenient object of attention, a model system of a particular way of enjoying the real, of worlding the world” (222).

“Can the political history of classical Athens legitimately be regarded as a case study – an experimental system or exemplary narrative, useful for investigating various aspects of democracy and related phenomenon? This is the starting question Josiah Ober proposes” (*Democratic Athens as an Experimental System: History and the project of Political Theory* pp. 225-242), claiming that historical narrative as a “model system” has a use-value as useful as that of biological model.

From the universal to the particular, historical narrative as a model. These concepts reach the apex in the article written by Carlo Ginzburg (*Latitude, Slaves and the Bible: An Experiment in Microhistory*, pp. 243-263). The starting point (Auerbach’s *Ansatzpunkte*) is the work of Jean-Pierre Purry. Relating it with other – even explicit or implicit – cultural perspectives (from Weber to Auerbach, from the Bible to Marx), Ginzburg explains that “The case of Jean-Pierre Purry, that early prophet of the capitalist conquest of the world, stands a chance of knocking down some of the barriers thought to divide microhistory and theory” (255).

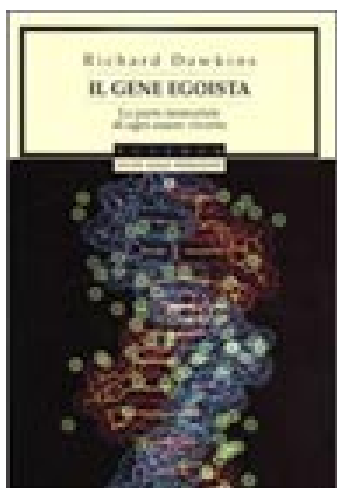


Mary Morgan's is the last section of the book (*Afterword: reflections on Exemplary Narratives, Cases and Model Organisms*, pp. 264-274). Given the fact that every single case serves multiple purposes and that "exemplary narratives differ in salient ways from model organisms" (265), nonetheless "they share the characteristic feature of being objects to be inquired into and objects to inquire with" (id.)

The relationship of both model or case to explanatory system may "change more fundamentally over time" (267). In order to let the features described in this book play its role and act as an explanatory tool, we have to use all of them applying every concept and epistemological thought to a wider and cross-cultural perspective, as well as to a vast range of research fields.

Matteo Borri

Idee per una rilettura
Il gene egoista
Richard Dawkins
Mondadori, Milano 1992



Ogni rilettura di un classico pone sempre problemi di prospettiva e di giudizio. Gli anni che separano dalla prima uscita di questo influente saggio sono stati caratterizzati da un'imponente messe di nuove acquisizioni e dalla nascita di nuove discipline come, ad esempio, le neuroscienze.

Allo stesso tempo e, per un certo verso anche a causa di ciò, sono riemersi conflitti e polemiche che avevano interessato teorie e metodi di indagine e che sembravano sopiti. Il recente caso della teoria dell'evoluzione contestata dai sostenitori del cosiddetto "Creazionismo", di quella prospettiva che va anche sotto il nome di "*Intelligent design*", ne rappresenta un interessante esempio.

Accese discussioni si sono riaperte a tutti i livelli. Dall'ambiente della ricerca a quello dell'Università e della scuola per finire ai media televisivi e ai giornali, personaggi di tutti i livelli, più o meno autorevoli e competenti, hanno espresso le loro opinioni sul darwinismo e sulle sue conseguenze. L'influenza del pensiero religioso ha riattizzato vivaci prese di posizione non solo scientifiche ma dal chiaro contenuto filosofico e, soprattutto, politico.

In questo clima di rinnovata curiosità e interesse verso le scienze della vita e le loro ramificazioni è venuto allora naturale tornare a rileggere un autore ed un saggio che, come solitamente si dice, "fece epoca". Il libro di Dawkins costituì davvero, 32 anni fa, il classico sasso nello stagno. Non che non circolassero già idee in quella direzione. Semplicemente, come in tanti altri casi, anche famosi, quel saggio riuscì ad articolare quelle idee in modo coerente e a presentare un quadro sufficientemente completo secondo una prospettiva originale.

Questo libro dovrebbe essere letto quasi come se fosse un libro di fantascienza. Infatti è stato pensato per stimolare l'immaginazione del lettore. Tuttavia, non tratta di fantascienza, ma di scienza vera. ... Noi siamo macchine da sopravvivenza - robot semoventi programmati ciecamente per preservare quelle molecole egoiste note sotto il nome di geni [...]

Scriveva Dawkins nelle prime righe della prefazione alla prima edizione del 1976. E con queste poche parole condensava brillantemente lo stile, il tono e il contenuto del saggio: uno stile informale lontano dal gergo degli scienziati, arricchito da metafore semplici e colorite, un tono generalmente dimesso, non paludato ma diretto a suscitare curiosità, spesso bonariamente ironico, talvolta pungente, una sintesi stringatissima della tesi centrale, originale e tutta da dimostrare.



«...Sono un etologo e questo è un libro sul comportamento degli animali...» proseguiva più oltre nella stessa prefazione e il suo tributo al pensiero etologico sarebbe emerso ovunque dal testo. In effetti Dawkins era stato per molti anni allievo di Niko Tinbergen, insieme a K. Lorenz uno dei maggiori studiosi del comportamento animale del '900.

Tredici anni dopo, nel 1989, sempre nella prefazione alla seconda edizione scriveva ancora:

La teoria del gene egoista è la teoria di Darwin, espressa in un modo che Darwin non utilizzò ma di cui mi piace pensare che avrebbe immediatamente riconosciuto e apprezzato l'adeguatezza. Si tratta infatti di una derivazione logica del neodarwinismo ortodosso, espressa però in una prospettiva diversa: invece di concentrarsi sul singolo organismo, guarda la natura dal punto di vista del gene. È un diverso modo di vedere, non una teoria diversa.

E per farsi capire ancora meglio, portava l'esempio del cubo di Necker, una figura bidimensionale che può essere vista in due modi diversi, perfettamente compatibili: due prospettive dello stesso oggetto.

Ciò che voglio dire è che esistono due modi di guardare la selezione naturale, il punto di vista del gene e quello dell'individuo. Se compresi perfettamente sono equivalenti: due visioni della stessa verità. Potete passare dall'una all'altra e sarà sempre lo stesso neodarwinismo.

In realtà, secondo Dawkins, si trattava di guardare in modo nuovo e più produttivo a fatti e teorie vecchie, ampiamente conosciute: di proporre e sostenere una nuova visione, una vera e propria "trasfigurazione". Guardare con occhi diversi significa in effetti arricchire l'oggetto guardato, coglierne caratteristiche e sfumature che erano sfuggite alle osservazioni precedenti, proporre nuovi quesiti, cercare risposte nuove o diverse: l'esempio del cubo di Necker non era perciò più sufficiente a descrivere il suo modesto contributo.

La nuova edizione del 1989 contiene anche due nuovi capitoli, il 12° e il 13° che integrano ed estendono l'originale (inalterato!). Si riferiscono il primo alle ricerche di R. Axelrod sulla cooperazione nell'ambito dell'evoluzione e il secondo al contenuto del saggio pubblicato nel frattempo dallo stesso Dawkins, *Il fenotipo esteso*, che indagava l'azione ad ampio raggio del gene, non solo sullo sviluppo degli individui e delle specie ma anche sullo stesso ambiente esterno.

Come abbiamo visto dunque, Dawkins si professa un neodarwiniano convinto e non ha alcuna difficoltà a sostenere che «...Oggi non si può dubitare della teoria dell'evoluzione, più di quanto si dubiti che la Terra gira intorno al Sole...». Piuttosto, non tutte le implicazioni della rivoluzione darwiniana sono state ancora esplorate ed apprezzate ed il suo valore "filosofico" messo in giusta evidenza. Addirittura «... La filosofia e le materie cosiddette 'umanistiche' vengono ancora insegnate quasi come se Darwin non fosse mai esistito...» ed aggiunge, ottimisticamente «... Senza dubbio questo stato di cose cambierà con il tempo...»(come sappiamo, non è andata proprio così, purtroppo ...).

Comunque «...Il mio scopo è quello di esaminare la biologia dell'egoismo e dell'altruismo...» e di tutte quegli aspetti collegati della vita sociale come l'amore e l'odio, la cooperazione e la lotta, la bramosia e la generosità, ecc. ecc. E se anche altri autori come Lorenz e Eibl-Eibesfeldt hanno cercato di trovare risposte adeguate, il loro fallimento, per Dawkins è da attribuire al



fatto che questi sono partiti dal presupposto, sbagliato, che l'evoluzione riguardasse in primo luogo la specie (o il gruppo) e non l'individuo (o il gene).

Quindi, sintetizzando al massimo, «...L'argomento base di questo libro è che noi, e tutti gli altri animali, siamo macchine create dai nostri geni ...» per la loro sopravvivenza e proliferazione e che «...una qualità predominante da aspettarsi in un gene che abbia successo è un egoismo spietato ...». Ovviamente questo non significa che l'egoismo del gene si trasmetta pari pari all'individuo né che ci sia tra loro un rapporto causale diretto. Anzi, spesso l'egoismo del gene si manifesta a livello di individui o di gruppi con forme di comportamento che possiamo tranquillamente definire altruistiche.

Dawkins non si propone affatto di fondare una moralità sui principi dell'evoluzione ma, al contrario dichiara platealmente che «... una società umana basata soltanto sulla legge del gene, una legge di spietato egoismo universale, sarebbe una società molto brutta in cui vivere...». D'altro canto, «...Per quanto ci dispiaccia pensarla così, l'amore universale e il benessere della specie nel suo insieme sono concetti che non hanno alcun senso dal punto di vista dell'evoluzione...».

Certamente, come abbiamo già detto, la nozione di egoismo riferita ad un gene non può essere, in alcun modo, identificata con quella di "comportamento egoista" di un individuo. È soltanto una metafora potente che comunque veicola l'idea che: 1) - le unità elementari del processo evolutivo sono i geni e 2) - il loro scopo è quello di replicarsi e diffondersi utilizzando tutti gli strumenti e le strategie reperibili, sia all'interno che all'esterno dei corpi che sono utilizzati come macchine per la loro sopravvivenza.

Dawkins sa benissimo che la plausibilità della sua tesi ha bisogno di una lunga ed articolata argomentazione. E per fare questo bisogna partire da un riesame critico di molte nozioni basilari della moderna biologia e ripercorrere le tappe dell'evoluzione reinterpretandole dal punto di vista del gene. Si tratta, in pratica, di ricostruire il processo della selezione naturale degli individui, dei gruppi e delle specie viventi derivandolo da un unico assioma, la sopravvivenza del gene, nella forma di una continua replicazione e diffusione: gli individui, cioè i corpi individuali muoiono, i gruppi scompaiono o si dissolvono, le specie si estinguono ma i loro geni si trasmettono incessantemente da una generazione all'altra in una catena potenzialmente immortale.

Ma la selezione naturale che appunto si fonda sul principio della sopravvivenza del più adatto non può applicarsi a specie, gruppi o individui: la loro vita è mediamente troppo corta per manifestare segni di evoluzione. Questi si possono invece rilevare solo su entità che vivono per un adeguato lasso di tempo e che sono in grado di produrre fedelmente numerose copie di se stesse. Entità semplici, elementari che codificano biologicamente caratteristiche e proprietà osservabili a livello macroscopico nei corpi o nel loro comportamento: queste entità sono appunto i geni.

In dieci densi e vivaci capitoli, partendo dalla origine stessa della vita, Dawkins analizza via via i temi e le questioni principali della teoria dell'evoluzione. Dalla trasmissione del codice genetico tramite i filamenti di DNA al problema degli errori di replicazione, dalla nozione di stabilità di certe forme viventi alla funzione dell'aggressività e della lotta per la conquista di migliori condizioni riproduttive. Dal ruolo della parentela e del suo riconoscimento alle problematiche



legate al controllo del territorio per il nutrimento della prole; dalle strategie di corteggiamento alla pianificazione "familiare" delle specie animali, dallo scontro generazionale a quello tra i sessi.

E nel tratteggiare questo imponente affresco, Dawkins si avvale dei più moderni strumenti di indagine: dalla ricerca operativa al calcolo delle probabilità, dalla statistica alla teoria dei giochi. Proprio uno dei più noti argomenti della teoria dei giochi, il "dilemma del prigioniero" serve ad illustrare la nozione di strategia cooperativa, adottata nella battaglia tra gruppi o per la conquista e il controllo di una certa posizione di dominanza territoriale.

Portando un' enorme varietà di esempi, scelti però sempre con grande cura, Dawkins mostra come interpretare correttamente anche comportamenti apparentemente paradossali quando ci si ponga nella particolarissima ottica del "gene egoista". Se assumiamo quella prospettiva, considerando la selezione naturale come un processo di progressivo affinamento delle strategie di sopravvivenza dei geni e quindi delle macchine biologiche che li ospitano, la stragrande maggioranza delle situazioni e dei comportamenti una volta ritenuti problematici possono ricevere una interpretazione coerente e soddisfacente.

La straordinaria ricchezza di esempi e di situazioni descritte da Dawkins ci impedisce di farne anche un semplice accenno. Ma il messaggio di fondo è sempre più chiaro: il motore dell'evoluzione delle forme viventi non può che essere rappresentato dalla spinta del gene a garantire la propria immortalità saltando da una generazione all'altra e producendo il maggior numero possibile di copie fedeli a se stesso.

La Natura non conosce quello che noi definiamo "altruismo" in senso pieno, questo è un concetto "culturale", non biologico. Ma gli uomini sono la sola specie che può svincolarsi dal destino bio-evolutivo e organizzare una società nella quale la selezione possa avvenire in tempi e modi controllati. D'altra parte un fenomeno analogo a quello della selezione naturale si può riscontrare anche nel mondo delle forme culturali. Ed anche lì possiamo identificare qualcosa di simile al gene: una sorta di unità elementare che combinandosi in gran numero con altre va a costituire un organismo complesso che prende il nome di "Cultura" (conoscenze tecnico scientifiche, usi, costumi, credenze, linguaggi, espressioni artistiche, religiose, ecc.).

Ma anche nel mondo della cultura si possono osservare processi di trasformazione che potremmo definire "evolutivi"; attraverso le epoche non solo il mondo naturale ma anche la cultura si evolve, manifestando una sorta di battaglia per la sopravvivenza tra le sue varie componenti per assicurarsi il passaggio alle generazioni successive, una specie di "selezione culturale" del più adatto.

Dawkins battezza queste unità elementari della cultura "memi" e, in completa analogia con i geni, li considera capaci di influire negativamente sul comportamento degli uomini, di indottrinarli e di renderli quasi schiavi: anche i memi sono totalmente egoisti, puntando solo alla loro sopravvivenza e alla loro massima diffusione.

L'uomo però, inteso come Umanità, ha l'intelligenza, la razionalità e il libero arbitrio. Può dunque opporsi, combattere, svincolarsi, concepire e vivere forme di altruismo volontario, genuino e disinteressato.

Abbiamo almeno l'equipaggiamento mentale per coltivare i nostri interessi egoistici a lungo termine invece di badare semplicemente ai nostri interessi egoistici a breve termine. ... Abbiamo il potere di



andare contro i nostri geni egoisti e, se necessario, ai memi egoisti del nostro indottrinamento. Possiamo addirittura discutere modi di coltivare deliberatamente l'altruismo disinteressato e puro - qualcosa che non trova posto in natura, qualcosa che non è mai esistito nell'intera storia del mondo. Siamo stati costruiti come macchine dei geni e coltivati come macchine dei memi, ma abbiamo il potere di ribellarci ai nostri creatori. Noi, unici sulla terra, possiamo ribellarci alla tirannia dei replicatori egoisti.

Dawkins conclude così il capitolo 11 (che era l'ultimo della prima edizione). Un appassionato inno all'intelligenza, alla fantasia e alla volontà umane: un appello accorato al valore profondo della nostra umanità, un invito a restare vigili e partecipi, ad accettare la nostra natura animale senza tradire, allo stesso tempo, il nostro ruolo di consapevoli attori nel grandioso spettacolo della storia naturale.

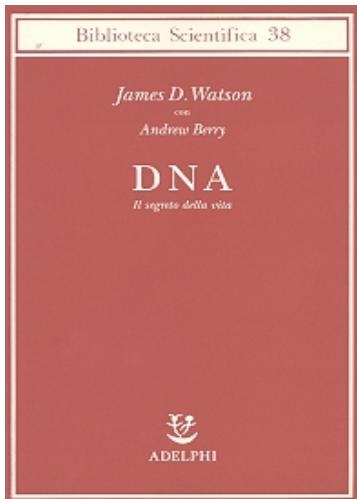
Il limitato spazio a disposizione non consente non solo di approfondire ma neppure di accennare alla incredibile quantità di episodi, aneddoti, intuizioni e spunti di riflessione che sono contenuti in questo libro straordinario. Gli scritti successivi di Dawkins hanno approfondito i temi presentati nel *Gene egoista*: ma l'impianto della sua proposta è rimasto lo stesso. Le attuali ricerche e i conseguenti risultati, come il sequenziamento del DNA e le terapie geniche sembrano comunque attribuire al gene un ruolo centrale nei processi di controllo dell'evoluzione biologica. Sicuramente biologia ed evoluzione sono strettamente imparentate: esattamente come e fino dove ancora non sappiamo ma forse stiamo per saperlo.

In ogni caso, dal nostro punto di vista, rileggere un saggio come questo ci aiuta a collocare un importante segmento della ricerca delle origini e del destino della storia umana nella giusta prospettiva per poterne apprezzare tutta la sua carica innovativa e profondamente rivoluzionaria. L'importante, sottolinea Dawkins, è avere le idee sempre più chiare.

Umberto Maionchi

Idee per una rilettura
DNA: il segreto della vita

James D. Watson
Adelphi, Milano 2004



Il libro di Watson ripercorre le tappe principali della scoperta della struttura della molecola del DNA, dalla sua genesi presso il Cavendish Laboratory di Cambridge, fino ai recenti sviluppi della biologia molecolare e dell'ingegneria genetica.

La storia della scoperta della struttura molecolare del DNA è soprattutto la storia di uomini e donne, biologi, chimici, fisici, animati da un progetto comune: comprendere l'architettura della vita. Non è un caso che molti degli attori principali di questa storia siano stati influenzati e ispirati dal libro del padre della meccanica ondulatoria, Erwin Schrödinger: *Che cos'è la vita?* Schrödinger concepiva la vita come un processo di archiviazione e trasmissione dell'informazione biologica racchiusa in quello che il fisico definì 'il codice ereditario'

contenuto nel tessuto molecolare dei cromosomi. Lo stesso Crick, ricorda Watson, aveva letto il libro del fisico austriaco e ne rimase profondamente impressionato.

È una storia che Watson racconta con taglio autobiografico, piena di imprevisti e vicoli ciechi. Grazie alla collaborazione con ricercatori geniali come Francis Crick, Rosalind Franklin, Laurence Bragg, Maurice Wilkins, Salvador Luria, Linus Pauling, per citarne alcuni, il giovane biologo James Watson verrà a contatto con i più promettenti indirizzi di ricerca del tempo.

Fino agli anni cinquanta, ricorda Watson, la maggior parte dei biochimici non era convinta "che il DNA fosse una molecola sufficientemente complessa per funzionare da depositaria di una quantità di informazione biologica tanto vasta"(p.31). La maggior parte dei biologi e dei chimici, infatti, credeva che fossero le proteine, e non il DNA, a "rivelare il proprio ruolo ereditario"(p.32).

Scienziati come Franklin e Wilks, ritenevano che l'unica strada promettente per l'indagine della struttura del DNA fosse quella dell'analisi cristallografica a raggi X. Watson e Crick, invece, si impegnarono nel tentativo di costruire un modello *geometrico* del DNA. Qual era l'organizzazione spaziale delle molecola? Quali le particolari configurazioni molecolari che meglio si armonizzavano con la sua funzione? Il chimico Linus Pauling fu il primo a intuire che la disposizione spaziale delle diverse parti della molecola potesse avere una forma elicoidale: la cosa sorprendente, ricorda Watson, fu che Pauling non dedusse il suo modello da dati sperimentali per mezzo della diffrazione a raggi X, ma "costruì modelli in scala delle parti della molecola proteica, variando le diverse configurazioni spaziali"(p.56). Fu proprio questo approccio astratto, geometrico, a condurre Watson e Crick verso la soluzione del problema.

All'inizio del 1953, ricorda Watson, Pauling propose un modello a tre catene della molecola, dove l'ossatura zucchero-fosfato formava una densa impalcatura centrale. Il chimico proponeva, inoltre, che i fosfati fossero tenuti insieme da ponti idrogeno. Watson, però, ebbe



l'impressione che qualcosa, in quel modello, non fosse corretto: "Era accaduto l'impossibile. Il più famoso chimico del mondo era incappato in un errore di chimica; l'oggetto della nostra ricerca era l'*acido* desossiribonucleico, mentre la struttura che lui stava proponendo non era affatto acida"(p.62).

In preda all'eccitazione, Watson si recò a Londra per informare Franklin e Wilkins. Le recenti analisi a raggi X confermavano però l'ipotesi della struttura a elica del DNA. Watson e Crick tornarono allora al lavoro di modellizzazione, "cercando di escogitare un modo in cui le quattro basi aminoacidiche, adenina, timina, guanina, citosina, potessero combinarsi tra loro generando un'elica"(p.65). I due scienziati si resero conto che le misurazioni di densità del DNA favorivano l'ipotesi di un modello a due catene e non a tre, come proponeva Pauling. Come si accoppiavano le basi? Che tipo di legami potevano caratterizzare la particolare struttura elicoidale della molecola? Nel frattempo, Watson aveva cominciato a lavorare con "sagome di cartone rigido" concepite come basi. A causa di un errore presente nel manuale di chimica del biologo, per due settimane, ogni tentativo di costruire un modello della struttura del DNA si rivelò vano. Fu un chimico teorico del Caltech, ricorda Watson, ad accorgersi dell'errore nel libro, così che il giovane biologo modificò la posizione degli atomi di idrogeno nelle sagome di cartone (p.65).

La mattina del 28 febbraio 1953, tutto divenne improvvisamente chiaro: le due catene erano tenute insieme da forti ponti idrogeno tra le coppie di basi, precisamente tra adenina e timina o tra guanina e citosina. Conoscendo l'ordine delle basi lungo una delle due catene, automaticamente era possibile dedurre la sequenza dell'altra:

Questo doveva essere il modo in cui i messaggi genetici venivano copiati con tanta precisione, quando i cromosomi si duplicano prima della divisione cellulare. La molecola si 'apriva' come una cerniera lampo, dando luogo a due filamenti separati, ognuno dei quali serviva da stampo per la sintesi di un nuovo filamento, così che da una doppia elica se ne formavano due"(p.65).

Abbastanza incredibilmente, ricorda Watson, a scoprire la struttura caratteristica della molecola, furono un biologo e un fisico (Crick) che non possedevano una padronanza dettagliata della chimica, "nemmeno a livello scolastico" (p.66). Per quanto paradossale, ammette il biologo, questa fu la chiave del successo dei due ricercatori: proprio il fatto di non essere chimici di formazione, indusse Watson e Crick a indagare la struttura tridimensionale del DNA, privilegiando un approccio più astratto al problema.

La scoperta della struttura molecolare del DNA condusse i ricercatori a studiare i rapporti tra DNA e proteine: come faceva l'informazione codificata nel DNA a generare una proteina? La scoperta dell'RNA messaggero (mRNA), nel 1960, contribuì a risolvere l'enigma: era stata individuata la molecola stampo per la sintesi proteica. Nel 1961, presso la Cambridge University, Brenner e Crick, con l'aiuto di mutageni chimici, scoprirono che l'inserzione o la delezione di una singola coppia di basi generava una pericolosa mutazione (frameshift) responsabile dell'alterazione globale della lettura molecolare del codice. Lo stesso fenomeno avveniva anche con l'inserzione, o la cancellazione di due coppie di basi, mentre una delezione/inserzione tripla non comprometteva necessariamente l'attività della proteina risultante. Era la prova, ricorda Watson, dell'organizzazione a triplette (di basi) del DNA (p.86).



Da allora, la genomica ha fatto dei progressi straordinari: sappiamo che una buona parte di geni sono coinvolti nella regolazione di altri geni e che lo sviluppo cellulare è esso stesso un enorme esercizio di regolazione genica (p.91). Disponendo del DNA ricombinante (rottura e formazione cromosomica), gli scienziati possono servirsi, oggi, di strumenti necessari non solo per studiare il DNA, ma per *manipolare* il materiale genetico stesso. Gli enormi progressi nel campo delle biotecnologie hanno dischiuso scenari fino a pochi anni fa inimmaginabili. La competizione commerciale dei giganti dell'industria farmaceutica, insieme alla predisposizione agli affari di ricercatori geniali, ha innescato, secondo Watson, un circolo virtuoso: lo sviluppo e la diffusione di tecniche di laboratorio sempre più sofisticate al servizio della salute dell'essere umano. Sono molte le patologie oggi curate per mezzo di proteine geneticamente modificate: il futuro della biotecnologia medica sarà la messa a punto di farmaci in grado di agire selettivamente sulle proteine chiave implicate in patologie oggi letali, come il cancro, o in grado di potenziare, attraverso "l'evoluzione molecolare diretta", le risorse immunitarie naturali (p.114).

Le tecniche di ingegneria genetica sempre più raffinate, insieme alle continue scoperte in un campo in costante fermento, hanno indotto gli scienziati più produttivi nel settore a livello internazionale, a impegnarsi in quello che è stato definito come "uno strumento senza rivali nell'indagine di qualsiasi aspetto delle funzioni umane"(p.183): il Progetto Genoma Umano (HGP, Human Genome Project), volto alla mappatura completa, genetica e fisica, del genoma umano. Ricercatori brillanti come Craig Venter, Kary Mullis, Lloyd Smith, Mike Hunkapiller, hanno dato contributi fondamentali allo sviluppo di tecniche di ingegneria genetica sempre più rivoluzionarie. A distanza di cinquant'anni, ricorda Watson, l'impresa tecnologica del Progetto Genoma ha dato i suoi (allora insperati) frutti: il sequenziamento del DNA umano, una "sequenza lunga qualcosa come 3.1 miliardi di coppie di basi".

Oggi sappiamo che soltanto il 2% del genoma umano codifica effettivamente le proteine. Il resto del genoma, è costituito da tratti non codificanti di varia lunghezza, apparentemente privi di funzioni specifiche. Dal punto di vista del corredo genetico, l'uomo appare appena più complesso di una pianta erbacea comune.

Il corredo genetico di un verme comune, creatura costituita da non più di 960 cellule, contiene circa 20000 geni; soltanto il cervello umano contiene cento miliardi di cellule nervose e, nonostante l'enorme complessità strutturale, il nostro genoma "non è neanche doppio rispetto a quello del verme" (p.210). Come spiegare la diversità e la complessità cellulare tra gli organismi basandosi soltanto sull'hardware genetico a disposizione? È abbastanza incredibile, nota Watson, constatare come le dimensioni del genoma di una comunissima ameba siano circa 215 volte quelle del genoma umano o che il codice genetico di una cipolla contiene 14900 milioni di coppie di basi *in più* di quello umano (3100 milioni di coppie di basi). La ricerca in biologia molecolare ha permesso di 'fotografare' la mano invisibile dell'evoluzione all'opera: le somiglianze molecolari tra gli organismi sono la spia della presenza di antenati comuni. Circa il 46% delle proteine del lievito sono presenti anche negli esseri umani: probabilmente, afferma Watson, la linea filogenetica del lievito e quella umana si separarono circa un miliardo di anni fa (p.224).



Recenti evidenze sperimentali basate sull'analisi del cromosoma Y hanno confermato l'ipotesi dell'origine africana del nostro antenato comune vissuto non più di 150000 anni fa; tali ricerche condividono l'eredità delle scoperte degli antropologi Wilson e King, impegnati, nel 1975, nell'analisi filogenetica del DNA mitocondriale (parentela matrilineare) e del gruppo del genetista italiano Cavalli Sforza, occupato invece nell'analisi filogenetica del cromosoma Y (parentela patrilineare) (p.249). Grazie alle tecniche di analisi molecolare basate su entrambe le linee filogenetiche, è stato possibile realizzare una mappa genetica di gran parte degli abitanti (attuali e passati) dei continenti moderni. I Celti e i Baschi, per esempio, sono geneticamente distinti dal resto degli europei: la cosa sorprendente è che a tale 'isolamento' genetico, corrisponde anche una differenziazione linguistica dal resto delle lingue attualmente parlate in Europa (p.257). L'analisi del DNA mitocondriale ha permesso, inoltre, di sfatare un mito storicamente dato per assodato, e cioè che la storia dell'umanità sia stata fortemente determinata dalle migrazioni maschili, alla ricerca di nuove terre o bottini: infatti, geneticamente, le donne sono "otto volte più mobili degli uomini", nel senso che la migrazione femminile, in seguito alle invasioni da parte di popolazioni straniere, si è dimostrata un fenomeno molto più esteso di quanto si credesse finora.

Geneticamente, gli esseri umani devono considerarsi, per così dire, 'gemelli': infatti, nell'uomo, solo *una* coppia di basi su mille è diversa da un individuo all'altro. Rispetto alle drosofile, dove si assiste a una variabilità doppia rispetto alla nostra, o alle antropomorfe, dove tale variabilità è tripla rispetto a quella umana, i genomi degli esseri umani non presentano significative variazioni strutturali: in termini evolutivi, infatti, 150000 anni non bastano per introdurre variazioni sostanziali (p.260).

La mancanza di una cultura scientifica e genetica in particolare, continua ad alimentare, purtroppo, i ben noti e dolorosi pregiudizi razziali, come, per esempio, la discriminazione basata sul colore della pelle. Qualsiasi biologo, però, sa che anche gli scimpanzé, sotto il loro folto pelo, posseggono una pelle non pigmentata: con molta probabilità, l'antenato comune, distaccatosi cinque milioni di anni fa dalla linea filogenetica degli scimpanzé, aveva una pelle chiara, sostiene Watson. La forte pigmentazione degli africani è frutto della selezione naturale, che ha favorito una pigmentazione scura per evitare pericolose patologie cutanee in quelle popolazioni fortemente esposte ai raggi UV (p.261).

Le analisi genetiche confermano, precisa Watson, la nostra stretta parentela con gli scimpanzé: è stato appurato che il nostro cromosoma 2 derivò dalla fusione di due cromosomi dello scimpanzé, nonostante esitano altre notevoli differenze evidenti, per esempio, nel cromosoma 9 e 12. Gli sviluppi della biochimica molecolare hanno gettato luce anche sui meccanismi evolutivi alla base dell'origine del linguaggio. Nel 2002, un gruppo di ricercatori guidati da Svante Pääbo, ha scoperto un'interessante proprietà codificante riguardante il gene FOXP2, gene implicato nella produzione del linguaggio umano (mutazioni di questo gene causano disfunzioni nella produzione del linguaggio): nella proteina codificata da FOXP2, solo 2 aminoacidi su 715 sono presenti nell'uomo e assenti, invece, nello scimpanzé e nel gorilla. Il problema, però, è che tali aminoacidi sono identici in tutti i mammiferi studiati, tranne che nell'uomo (p.265).



Nonostante le importanti somiglianze di tipo genetico e biochimico, esiste, però, una grande differenza tra la struttura del cervello umano e quello dello scimpanzé: sebbene sia improbabile che qualsiasi dettagliata analisi molecolare sia in grado di spiegare, da sola, la complessità cerebrale umana, gli esseri umani, afferma Watson, possono essere considerati come “grandi scimmie antropomorfe con qualche interruttore genetico esclusivo e speciale”(p.267).

I continui progressi nel campo delle biotecnologie non hanno soltanto contribuito ad aumentare le nostre conoscenze di antropologia molecolare, o a sviluppare potenti terapie farmacologiche, ma hanno sollevato delicate questioni di carattere etico, nonché forti opposizioni e aspre critiche interne alla comunità scientifica stessa. Il lavoro del biologo, ammette Watson, deve spesso confrontarsi con resistenze di tipo ideologico, o politico, prive, spesso, di qualsiasi sostegno empirico. L'utilizzo di alcune tecnologie genetiche - si pensi alle impronte genetiche come misura preventiva o alle discusse tecniche di ingegneria molecolare - oltre a sollevare delicati dilemmi morali per l'individuo e la collettività, troverà sempre l'opposizione di una parte della società civile che vedrà, in quelle tecnologie, una progressiva limitazione della sfera della libertà umana, nonché, aggiungiamo, una violazione dei diritti fondamentali della tutela della vita (p.298). Secondo Watson, però, i vantaggi, alla lunga, si riveleranno maggiori dei rischi, non solo in ambito giudiziario: la genetica medica, lo studio genetico e metabolico di patologie letali, la clonazione genetica terapeutica, la mappatura dei meccanismi interattivi tra diversi geni alla base della maggior parte delle malattie umane (malattie poligeniche), la messa a punto di sofisticati test genetici, contribuiranno a migliorare i nostri strumenti terapeutici, e soprattutto, diagnostici (p.366).

Nonostante gli iniziali entusiasmi e i continui progressi della ricerca, ammette Watson, la comprensione del funzionamento del genoma umano si trova, tuttavia, ancora in una fase embrionale: occorre comprendere la funzione del genoma nella sua “realtà dinamica”, integrando le scoperte sui genomi con i più promettenti indirizzi di ricerca della proteomica e della trascrittomica (p.227).

Le recenti indagini sperimentali sui genomi, infatti, hanno evidenziato nella particolare architettura spaziale interna alla loro organizzazione tridimensionale, la principale caratteristica di queste molecole. Ciascun genoma possiede una complessa organizzazione geometrica: quali sono le relazioni tra la regolazione dell'espressione genica e l'organizzazione tridimensionale del genoma? Oggi sappiamo che numerose sequenze geniche considerate non codificanti possiedono, in realtà, un complesso ruolo regolativo per l'espressione genica. Il DNA, inoltre, interagisce in modo determinante con tutta una varietà di proteine in grado di regolare, anch'esse, l'espressione genica. La natura altamente organizzata dell'ambiente nucleare, caratterizzata da alti livelli di plasticità funzionale, è, così, in grado di generare transizioni strutturali che correlano strettamente con l'attività genica.

I nuovi sviluppi della biologia molecolare inducono a ripensare il concetto stesso di gene: gran parte dell'informazione genetica viene operata dall'RNA e dall'architettura nucleare della cellula. Emerge, così, un nuovo concetto, quello di *epigenoma*: l'insieme delle relazioni causali tra DNA, RNA, architettura nucleare e proteine.

Alberto Binazzi

Idee per una rilettura
Il caso e la necessità
di Jacques Monod
Mondadori, Milano 1997



Quando questo libro fu pubblicato nel 1970 scatenò immediatamente scalpore e curiosità. Oltre ad esporre con chiarezza le nuove scoperte scientifiche nel campo della biochimica molecolare e della genetica, Monod con quest'opera introduce concetti fondamentali che hanno poi portato, solo per fare qualche esempio, allo sviluppo della sociobiologia evolutiva, o del darwinismo di Dennet, Dawkins e Ruse. Il titolo del testo di Jacques Monod – premio Nobel per la fisiologia e la medicina nel 1965 – richiama l'atomismo di Democrito: «Tutto ciò che esiste nell'universo è frutto del caso e della necessità». L'originalità di quest'opera sta nel tentativo di esplorare i risvolti filosofici, etici e politici del neodarwinismo in Biologia.

Il caso e la necessità è un testo ad alta densità filosofica, ed è a tutt'oggi uno dei lavori cardine della filosofia "naturale" del vivente e delle scienze che lo studiano. Se vogliamo compiere un percorso dentro la Biologia oggi non possiamo non tenere conto di Monod. In questa rilettura non affronteremo i dettagli di tipo strettamente scientifico – che nella stessa opera di Monod vengono menzionati per lo stretto necessario –, ma vaglieremo solo i principi generali di tipo teorico attorno ai quali si organizza il testo.

Il pensiero filosofico – come ricorda lo stesso Monod¹ –, fin dagli albori della Grecia antica, si era diviso tra chi sosteneva che i costituenti ultimi della realtà fossero formati da strutture invarianti e immutabili, e chi invece assegnava il primo posto nella gerarchia del vivente a movimento ed evoluzione. Gli invarianti rappresentano però per la scienza postulati universali di conservazione. È stata la biochimica a mostrare che struttura e funzionamento del mondo vivente sono a livello microscopico essenzialmente identici. La struttura è composta di proteine e acidi nucleici. L'invariante basilare a livello biologico è il DNA. Il principio fondamentale della Biologia molecolare, il cosiddetto dogma centrale della genetica, consiste nel sostenere che l'informazione si trasmette dal DNA alle proteine. Il sistema è quindi chiuso su se stesso ed è conservatore. È il puro caso,² la cieca libertà assoluta, a modificare le alterazioni genetiche.

Collegando le conoscenze macroscopiche della fisica con quelle a livello biochimico, Monod supera definitivamente la genetica classica – che concepiva i geni come strutture formali – e non solo si rende conto delle interrelazioni biochimiche esistenti tra i geni, ma ne identifica anche la struttura fisica in porzioni di DNA.

¹ Monod, J. (1970), *Il caso e la necessità*, Mondadori, Milano 1997, p. 93.

² Laddove *caso* va qui letto come la caratteristica essenziale degli eventi.



Il caso e la necessità si apre con considerazioni di carattere filosofico riguardanti questioni come la distinzione tra naturale e artificiale, la teleonomia, la riproduzione, e l'invarianza. In quest'opera, Monod affronta uno dei problemi più importanti della Biologia: l'apparente contraddizione epistemologica tra la teleonomia degli organismi viventi e il postulato di oggettività.

Il postulato di oggettività – che afferma che la conoscenza 'vera' è impossibile se si interpretano i fenomeni in termini di cause finali – è alla base del metodo scientifico, ed è parte integrante della scienza, che senza di esso non sarebbe tale. Ma è la stessa oggettività che rende evidente il carattere teleonomico dei viventi, cioè la loro natura di elaboratori e realizzatori di progetti. L'oggetto naturale deve tutto nel suo sviluppo alle interazioni morfogenetiche interne e non a forze esterne. Ecco dunque la contraddizione: la teleonomia degli organismi viventi è oggettivamente evidente, ma è allo stesso tempo negata dal postulato di oggettività.³ Il progetto più generale è la conservazione della specie. Nel tentativo di trovare una soluzione a questo problema, Monod elaborò la definizione di organismo come «macchina chimica» autonoma, non guidata da un fine esterno, ma da proprietà teleonomiche. Gli organismi viventi contengono in sé già tutte le informazioni necessarie al proprio funzionamento, e il DNA – per mezzo delle proteine – trasforma queste informazioni in strutture e funzioni biologiche, che determinano l'organizzazione dei viventi.

La parte centrale dell'opera è dedicata alla descrizione dettagliata del funzionamento dei sistemi biologici, con particolare attenzione non tanto al genoma e alla sua replicazione, quanto alle proteine, e soprattutto al loro ruolo di agenti teleonomici (la loro abilità catalitica e quella di auto-assemblarsi). Gli esseri viventi sono infatti macchine chimiche, la cui benzina è rappresentata dalle proteine, e la cui propulsione è innescata dai meccanismi metabolici. I sistemi biologici funzionano obbedendo a leggi fisse che sono equiparabili a quelle dei calcolatori e all'algebra di Boole, e non – dice Monod – alla logica di Hegel. Tutte le teorie sulla materia vivente elaborate sulla falsariga della posizione di Hegel – definite da Monod organicistiche – hanno il difetto di criticare sempre il riduzionismo del metodo scientifico. Monod non si cimenta con la *querelle* tra riduzionismo e antiriduzionismo, contestando fortemente tutte le posizioni ritenute anti-scientifiche. Lo studio delle singole parti e dei microcostituenti della realtà stava infatti dimostrando la propria utilità per la comprensione della complessità organica. Tuttavia, anche se l'embriologia ha fatto passi da gigante dall'epoca in cui scriveva Monod, si era ben lontani da spiegare le strutture macroscopiche in termini di interazioni a livello microscopiche.

Monod sottolinea il carattere di casualità degli eventi naturali presente al livello del codice genetico. Infatti, poiché gli organismi sono considerati come sistemi chiusi e quindi le trasformazioni che si riscontrano nella struttura del DNA non possono essere causate da

³ Questa progettualità teleonomica degli esseri viventi crea dunque una profonda contraddizione epistemologica con il postulato dell'oggettività della natura – fondato da Galileo e Cartesio –, il quale escludeva dalla natura ogni forma di finalismo. Per questo motivo, l'evoluzione darwiniana della specie viene considerata da Monod l'unico presupposto valido per fare della Biologia una scienza, a differenza delle ideologie religiose come il creazionismo, *ivi*, pp. 25-27.



interazioni dell'organismo con l'ambiente, le modifiche del DNA non possono che essere frutto del caso. Tuttavia, una volta avvenute, esse verranno inevitabilmente – e *necessariamente* – riprodotte e tramandate alle generazioni successive. I processi enzimatici sono così stupefacenti nella loro complessità, che sembrerebbero far pensare a una guida o funzione “conoscitiva” nella loro attività. Il fisico Maxwell li definì proprio così – dei diavoletti conoscitivi –, come se esistessero ‘figure’ intermedie in grado di regolare la comunicazione chimica tra composti. Per Monod, gli enzimi funzionano proprio come diavoletti dalle funzioni conoscitive. Essi sono i creatori d'ordine del nostro organismo.⁴ Tutti gli organismi si modificano ed evolvono grazie all'interazione con l'ambiente circostante e al ripetuto generarsi di individui varianti: ogni programma genetico è quindi il prodotto di caso (le mutazioni) e necessità (l'inesorabile azione della selezione naturale).

Pur avendo chiarito ed esplorato il concetto di teleonomia, Monod si pone il problema della – apparente – contraddizione tra questa e il succitato postulato di oggettività. L'unica ipotesi compatibile con il postulato di oggettività – e quindi accettata dalla scienza moderna – è che la teleonomia venga considerata non più come una proprietà primitiva, ma come derivata dall'invarianza; in altre parole, le strutture degli organismi che si evolvono sarebbero già invarianti, avrebbero cioè la capacità di conservare le mutazioni – frutto del caso – e di «subordinarne gli effetti al gioco della selezione naturale». Secondo le altre concezioni, sarebbe invece l'invarianza a essere proprietà secondaria, e l'evoluzione non sarebbe che una manifestazione di una volontà teleonomica superiore.⁵

Il linguaggio simbolico è il risultato sorprendente dell'evoluzione della specie umana. Nonostante ciò, per Monod la scienza moderna deve ignorare ogni forma di immanenza. Nello specifico, non si hanno certezze per poter affermare che il fenomeno della vita umana sia apparso un'unica volta sulla Terra. La nostra possibilità di vita è uscita alla roulette del caso e l'aspetto più sorprendente di questa possibilità evolutiva è il nostro cervello.

Oggi le neuroscienze e la filosofia della mente indagano le potenzialità prodigiose del nostro sistema cognitivo. Monod non si limita a individuare gli aspetti che sarebbero stati destinati a divenire fondativi per le scienze biologiche contemporanee, ma intravede con sorprendente lucidità come la sfida più ardua per la Biologia fosse rappresentata dall'esplorazione del cervello umano e dalla ricerca dei fondamenti ‘materiali’ e non ‘animistici’ o ‘dualistici’ della mente.

⁴ Ivi, p. 59.

⁵ Monod classifica queste diverse concezioni in due gruppi: il gruppo delle teorie vitalistiche (che ammettono un principio teleonomico la cui azione sia limitata solo alla biosfera) e quello delle teorie animistiche (in cui invece il principio teleonomico guida l'evoluzione cosmica). Teilhard de Chardin, Marx e Engels sono per Monod tutti vittime della “proiezione animistica”, di vedere nella natura qualcosa che in realtà non vi è.

Pur essendo un pensatore fermamente di sinistra – a tal punto da iscriversi al partito comunista, per poi però uscirne poco dopo – Monod criticava la visione della scienza fatta propria dal materialismo dialettico di Engels. Monod: «Si tratta di un'interpretazione (quella del *materialismo dialettico*, nda) non soltanto estranea alla scienza, ma incompatibile con essa, come si è potuto constatare ogni volta che i dialettici materialistici, uscendo dal puro vaniloquio ‘teorico’, hanno voluto illuminare le vie della scienza sperimentale con l'ausilio delle loro concezioni», ivi, p. 40. Dietro a queste teorie campeggiava l'illusione antropocentrica, che però veniva spazzata via dalle scoperte più recenti sia in campo biologico che in campo fisico.



Il cervello per Monod, al di là delle funzioni conoscitive avanzate, è primordialmente fatto per adempiere alle attività neuromotorie, per redigere programmi di azioni, per *rappresentare* e *figurare* il mondo esterno. Inoltre, la ‘biologia’ dell’uomo ci fornisce un apparato sensoriale criticamente orientato e settato – come quello di ogni essere vivente – sulle proprie funzioni comportamentali. La riflessione che ne *Il caso e la necessità* Monod anticipa tra *innatismo* e *comportamentismo* lo vedeva schierato sulle posizioni dei primi. Il punto fondamentale è che anche l’apprendimento si iscrive in un programma geneticamente prestabilito dalla specie.

Laddove la scienza dimostri la contingenza dell’esistenza umana, il fine dell’uomo stesso deve divenire la conoscenza. Il caso e la necessità sono quindi le forze stocastiche che regolano l’evoluzione della vita, le cui tre caratteristiche principali – indicate e riassunte da Monod – sono: *teleonomia*, *morfogenesi*, e *invarianza*. La guida e il faro dell’uomo deve essere l’etica della conoscenza. Gli oggetti naturali sono modellati dal libero gioco delle forze fisiche e non da un “progetto”: l’esistenza nasce per caso. La vita non è quindi il frutto di un disegno intelligente o di una creazione divina.

Nel dibattito – ancora oggi molto aspro – tra creazionismo ed evolucionismo, Monod prende posizione a favore di una teoria scientificamente rivoluzionaria ed epistemologicamente innovativa. La progettualità non è del tutto esclusa dalla materia vivente: i ‘viventi’ sono infatti esseri che si autoprogettano tramite il meccanismo della teleonomia. La singolarità del ‘progetto’ della vita umana consiste proprio in questo: nell’invarianza delle strutture morfogenetiche di fondo, e nella possibilità evolutiva della trasmissione *necessaria* di informazioni rivolte al miglioramento della specie verso le generazioni successive. I geni sono il portale attraverso il quale il *caso* - del libero gioco delle forze fisiche - e la *necessità* - della conservazione della specie -, convergono nella formazione del progetto ‘uomo’, del quale la teleonomia assicura la sopravvivenza.

Perché dunque rileggere l’opera di Monod? Oggi le scienze indagano il vivente – e quindi l’uomo – in maniera integrata, tenendo conto di ogni legge o principio regolativo della vita stessa. Monod, partendo da una riflessione riassuntiva e tassonomica della Biologia del Novecento, ha affrontato con lo stesso rigore analitico le sfide più difficili dell’epistemologia contemporanea, che sono ancora oggi sul ring della ricerca scientifica. Dalla polemica tra creazionisti ed evolucionisti, al dibattito tra riduzionisti e antiriduzionisti, alla riflessione antropologica sul ruolo dell’uomo nell’universo, Monod affronta i molteplici aspetti che caratterizzano questo dibattito, armonizzando coerentemente considerazioni di ordine scientifico e filosofico.

Chiunque si voglia confrontare oggi con il problema del rapporto tra mente e corpo, con le sfide della genetica e dell’epigenetica dell’apprendimento culturale, può farlo anche grazie alla lezione di Monod, ripartendo proprio dalla lettura del suo classico.

Duccio Manetti

Idee per una rilettura
Il secolo del gene
Evelyn Fox Keller
Garzanti, Milano 2001



“Oggi siamo in uno di quei momenti rari e preziosi in cui il successo insegna l’umiltà e questo potrebbe essere il principale dei molti benefici portati dalla genomica”.

Questa frase contenuta nell’introduzione al volume della Keller sintetizza il senso di sorpresa che ha colto molti biologi di fronte ai risultati del Progetto Genoma Umano. Le aspettative che il Progetto aveva suscitato portavano a credere che, una volta sequenziato il genoma, sarebbe stata disponibile l’intera informazione necessaria alla comprensione delle funzioni biologiche. Così non è stato, ed il volume della Keller è il resoconto, sia storico che teorico, degli effetti imprevisti del successo del Progetto Genoma.

La genomica infatti, più che essere il coronamento della genetica del Novecento, ne è in qualche modo il superamento: alcuni dei presupposti base che avevano guidato la ricerca fin dagli anni della nascita della genetica – ad esempio un certo determinismo genetico – sono stati superati per fare posto ad un quadro molto più complesso della realtà biologica. Si è infatti aperto un divario molto profondo tra la nozione di “informazione genetica” e quella di “significato biologico”. Chi immaginava che l’impresa del sequenziamento del DNA fosse comparabile al ritrovamento di una sorta di Stele di Rosetta si è dovuto ricredere e ha dovuto ammettere che effettivamente assomiglia assai di più al Disco di Phaistos, cioè ad un insieme ancora indecifrato di glifi ritrovato in un palazzo minoico, secondo la suggestiva immagine utilizzata dal genetista William Gelbart.

L’idea di un DNA metabolicamente inerte e indifferente ai processi enzimatici, ultima eredità di una precedente visione che privilegiava in ogni caso la stabilità intrinseca del patrimonio genetico, crolla. Il quadro è inoltre reso ancor più complesso dalla scoperta, successiva agli anni ’60, del fatto che un insieme piuttosto vasto di meccanismi di riparazione che entrano in atto per garantire la fedeltà del meccanismo di replicazione possono andare incontro ad un condizionamento genetico che induce una riparazione non a prova di errore (il cosiddetto Riflesso S.O.S). In altre parole i meccanismi garanti della stabilità genetica sono un prodotto dell’evoluzione stessa e variano di intensità al variare dell’ambiente. Questo punto apre, fra l’altro, anche all’interessante ipotesi, stando alla quale l’evoluzione umana sarebbe stata storicamente dipendente dall’acquisizione di motori genici sempre più sofisticati e potenti. Questa questione, assieme a quella altrettanto suggestiva della teoria del fisico Freeman Dyson a proposito della “doppia origine” della vita, chiude il primo capitolo del libro.

Successivamente viene affrontato il problema della funzione genica, ovvero si tenta di spiegare che cosa fa un gene: nel 1961 Marshall Nieremberg e Heinrich Matthaei dimostrarono la prima correlazione struttura-funzione tra un segmento di acido nucleico e la sintesi di un amminoacido, la fenilalanina.

In questo modo viene soddisfatta l'aspettativa serbata da molti biologi di leggere le funzioni geniche nella struttura del gene stesso attraverso gli strumenti offerti dalla nuova chimica molecolare: questo risultato fece largo ad ulteriori aspettative. Per tutti gli anni '60 e '70 infatti seguirono completamenti teorici che corroboravano il dogma centrale della genetica secondo cui "il DNA fa l'RNA, l'RNA fa le proteine e le proteine fanno noi".

Anche questo quadro però è andato in crisi e l'idea stessa che esista una corrispondenza uno-ad-uno fra gene e sintesi proteica è stata abbandonata: alcuni geni – meno del 3 % nell'uomo – sintetizzano più direttamente proteine mentre gli altri hanno vari ruoli nel guidare l'operazione complessiva, che comunque dipende dalla dinamica metabolica dell'intera cellula. Il problema cardine, quello della corrispondenza gene-carattere, si va così espandendo a quella del rapporto tra l'intero organismo ed il genoma.

Questa questione, che in altra veste tocca da vicino anche l'embriologia, è trattata nel terzo capitolo, dove il concetto di "programma di sviluppo" viene confrontato con quello di "programma genetico". Una delle più radicate metafore riguardo al genoma è quella secondo cui il genoma stesso equivarrebbe ad un programma di calcolo, ad un software. Quest'immagine corrisponde al concetto di programma genetico: la crisi di questo concetto ha permesso lo svilupparsi di una più ampia idea di programma di sviluppo. Il programma di sviluppo, rispetto al programma genetico, è più attento alle dinamiche complessive del metabolismo della cellula ed era stato avanzato da C.H. Waddington già negli anni '50. Quasi contemporaneamente Robert Briggs e T.J. King erano riusciti ad indurre il primo sviluppo embrionale di organismi complessi grazie alle tecniche di trapianto del nucleo. Questi risultati, assieme a quelli di John Gurdon negli anni '70, hanno aperto la strada alla moderna clonazione per trasferimento nucleare.

Come noto, la nascita della pecora Dolly nel 1997 rappresenta il momento per certi aspetti culminante dell'intero processo: dopo lunghissimi studi sugli anfibi si arrivava finalmente a clonare un mammifero. L'impresa è stata eclatante per varie ragioni. Per quel che riguarda il confronto tra programma di sviluppo e programma genetico è da notare che, se il programma di sviluppo coincidesse con quello genetico e risiedesse per intero, come si supponeva, nel genoma, allora dovrebbe essere possibile clonare un nuovo organismo dal nucleo di una qualsiasi cellula adulta. Così però non è. E' infatti necessario trasferire il nucleo in un ovocita, come se qualcosa non andasse nell'ambiente in cui si trova il nucleo. Da questo discende che esiste un meccanismo di differenziazione non genetico, ma che può essere tuttavia ereditato e che è comunque contenuto nella cellula. A seguito di questo e di altri risultati la ridefinizione del concetto di programma di sviluppo diventa necessariamente più ampio di quello di programma genetico: la complessità crescente di questa ridefinizione viene esplorata nelle pagine finali del terzo capitolo, dove la semplice metafora iniziale del programma di calcolo viene resa più elaborata e soddisfacente.



Al posto del solo genoma adesso abbiamo l'intero ovulo e dal software si passa all'hardware: il programma di sviluppo viene in definitiva caratterizzato come "il modo in cui i geni sono collegati tra loro da meccanismi regolatori complessi che nelle loro interazioni determinano quando e dove un particolare gene sarà espresso. Diversamente dalla sequenza del genoma, quel circuito regolatore non è fisso, bensì dinamico. Si tratta infatti di una struttura che cambia se stessa durante il ciclo di sviluppo. Chiamo programma di sviluppo proprio questo sistema dinamico. La maniera in cui cambia il circuito è la chiave del carattere del prodotto finale e sviluppato."

Il quarto ed ultimo capitolo affronta i limiti dell'analisi genetica e il problema di come lo sviluppo sia possibile. Riguardo al primo problema, le nuove tecniche di biologia molecolare hanno fornito negli anni '90 la possibilità di distruggere in modo mirato dei singoli geni nel loro contesto biologico reale (tecnica detta del "knock-out"). Lo studio delle funzioni geniche in un mammifero vivo hanno prodotto risultati sorprendenti: molto raramente, infatti, le previsioni degli scienziati si sono rivelate corrette. Questo implica che le funzioni di un determinato gene vengono riprodotte da un altro qualora il primo venga distrutto o danneggiato: questo fenomeno biologico, detto ridondanza, ha permesso di classificare anche alcuni esperimenti che fin dagli anni '60 avevano evidenziato la possibilità per un organismo di mantenere intatte le caratteristiche fenotipiche anche se entrambi gli alleli di un determinato gene erano danneggiati.

La ridondanza è evidentemente un fenomeno limitativo della conoscenza genica. È stato addirittura detto che la genetica è cieca di fronte alla ridondanza e in effetti è particolarmente complesso spiegare in termini evolutivi la presenza di geni ridondanti. Alcuni geni sottoposti a knock-out sono stati considerati a lungo importanti, data la loro stabilità intergenerazionale, ma se questa stabilità non porta a certi effetti fenotipici, perché l'evoluzione non ha cancellato quei geni?

Problemi come questo sono stati risolti utilizzando la teoria dell'informazione, che ci ha insegnato che la fedeltà di un messaggio può dipendere dalla sua ridondanza; questo passo è stato fatto però a prezzo di sostituire il gene all'intero organismo quale unità fondamentale della selezione.

L'idea stessa di "espressione genica" acquisisce una profondità e una struttura interna del tutto inaspettata che ha messo la biologia a stretto contatto con la teoria dell'informazione e con la *computer science*: quest'ultimo aspetto è esplorato nelle pagine finali del quarto capitolo, dove problemi più apertamente filosofici si mescolano alle riflessioni precedenti.

Nel complesso il volume della Keller rimane un'ottima guida per capire più da vicino certi percorsi di ricerca che sono assai vivi ed operativi. Il libro ha inoltre il pregio di unire la prospettiva storica all'analisi teorica, offrendo visioni, non soltanto di come si è evoluta la biologia, ma anche di come si è allargato il nostro sguardo da una considerazione ingenua dell'ereditarietà come semplice selezione naturale basata su mutamenti dovuti al caso, fino alle più sofisticate discussioni attuali sulle reti metaboliche genetiche ed i sistemi di ereditarietà multipli.

Giovanni Pancani

Idee per una rilettura
Il Fenomeno umano
Teilhard De Chardin
Queriniana, Brescia 2006.



Scritto tra il 1938 e il 1940, modificato nel 1948 e pubblicato postumo nel 1955, *Il Fenomeno umano* è l'opera della maturità intellettuale di Pierre Teilhard De Chardin.

Nell' "Avvertenza" l'autore precisa che la sua opera non deve essere letta come uno scritto di metafisica, ma come una "Memoria scientifica", dove "scienza" assume il significato nuovo di "Iperfisica", disciplina dotata di un metodo che unifica la tradizionale analisi scientifica a quella riflessiva.

L'intento esplicito di Teilhard non è di offrire una *spiegazione* del Mondo, ma fornire *un'introduzione ad una spiegazione* del Mondo o, per essere più precisi, una rappresentazione coerente e totale del Fenomeno, incardinata nel Fenomeno umano. Infatti l'uomo viene considerato non come un centro immobile del mondo, ma come la freccia dell'Evoluzione universale, scandita in

quattro aspetti: la pre-vita, la vita, il pensiero, la super-vita.

Le cose, secondo la visione abituale della scienza, seguono i due principi della conservazione e della degradazione dell'energia, come un razzo che lanciato in aria perde la sua forza ascensionale, man mano che sale. Per Teilhard De Chardin questa immagine deve essere completata dallo sguardo alla "faccia interna" delle cose, in modo da offrire una lettura totale del fenomeno cosmico. La teoria della faccia interna del reale riprende alcuni elementi di Leibniz e Bergson, solo per citarne alcuni, e vuole mostrare l'interiorità della materia (in opposizione a Cartesio secondo cui il corporeo si riduce all'estensione), una sorta di coscienza che appare con evidenza nell'Uomo. Applicando quest'idea al caso della Vita siamo portati ad affermare l'esistenza di una Previta. Il rapporto tra faccia interna ed esterna è regolato secondo la legge di complessità-coscienza: «Perfezione spirituale (o "centrità" cosciente) e sintesi materiale (o complessità) non sono che le due facce o parti legate d'uno stesso fenomeno». D'altra parte, per evitare l'accusa di dualismo (materialismo e spiritualismo), il pensatore ammette che ogni energia è di natura psichica, ma in ogni elemento particolare questa energia fondamentale si divide in due componenti distinte: un' *energia tangenziale*, che collega un elemento con tutti gli elementi dello stesso ordine nell'Universo e un' *energia radiale*, che l'attira nella direzione di uno stato più complesso.

Veniamo ora alla *Vita*: con l'apparizione della *cellula* si compie il passo della Vita. Il mondo cellulare si presenta come un mondo infinitamente complesso, sia perché ha avuto più punti d'origine, sia in seguito a differenze regionali (climatiche o chimiche). In questa ottica l'evoluzione del nostro pianeta, secondo Teilhard De Chardin, è qualcosa d'irreversibile e di continuo: se la vita un giorno è apparsa, è perché il chimismo della terra si trovava allora un in



uno stato privilegiato. E se la vita, oggi, non si forma più a partire da quegli elementi primordiali, è perché l'apparizione di una biosfera ha talmente impoverito il chimismo originario che è impossibile la riproduzione del fenomeno. La vita da parte sua si espande, dando luogo a un'evoluzione diretta, orientata secondo un asse preciso e privilegiato.

Con l'apparire del pensiero, l'evoluzione si presenta come "salita delle coscienze", come un progresso composto di altri progressi. L'individuo umano si personalizza attraverso l'ominizzazione dell'intero gruppo. In conclusione «l'Uomo è entrato senza strepito», egli emerge come qualsiasi altra specie, in continuità con il ritmo della vita che sale.

Teilhard ripercorre dunque a grandi passi le varie fasi della storia, cominciando dal Quaternario quando appare l'Uomo attuale, passando per il Neolitico che segna la nascita della Civiltà, per giungere all'epoca moderna. In questa fase l'umanità conosce un'età nuova, segnata dalla scoperta dell'evoluzione, la percezione dello spazio-tempo come durata, del cosmo come cosmogenesi. Ma chi garantisce un esito all'evoluzione? Oppure l'umanità è destinata ad un vicolo cieco? La risposta dell'autore è che «il mondo è un affare troppo grande [...]. Se esso ha intrapreso l'opera, è perché può compierla, seguendo gli stessi metodi, e con la stessa infallibilità con cui l'ha incominciata». L'idea di un mondo in evoluzione esige anche l'impegno della nostra azione: è così che Teilhard De Chardin indica la meta della super-vita e le linee da seguire per il futuro. Esiste perciò un Punto Omega verso cui converge naturalmente tutta l'umanità e, attraverso di essa, tutto il cosmo; Omega, inoltre, è Dio, conclusione dell'universo. Secondo il pensatore infatti è proprio grazie all'esistenza di un Assoluto che l'uomo è certo che l'evoluzione sarà irreversibile ed avrà un successo finale. Questa prova mette in luce che l'immensa evoluzione dell'universo sarebbe inconcepibile se non terminasse in qualche meta definitiva, ma in una "beffa". L'autore ricorre anche alla prova della causalità efficiente, affine a quella di Tommaso D'Aquino, ma a differenza di quest'ultimo che immagina un universo ciclico, Teilhard lo vede evolutivo-dinamico: perché l'universo come immensa evoluzione salga verso il più complesso, il più cosciente, c'è bisogno di un "Primo Motore", che sollevi l'universo verso il più essere.

In conclusione l'autore si sofferma anche sulla fine del mondo, definendola inimmaginabile e scartando le ipotesi di coloro che pensano alla fine dell'umanità (catastrofi cosmiche, disgregazioni..) come alla morte del singolo individuo. Nella sua ottica la fine del Mondo può essere vista come la rottura dell'equilibrio che stacca lo Spirito, finalmente compiuto, dalla materialità, per andare a riposare su Dio-Omega, che diventa il Cristo cosmico.

Interessante anche il ruolo della scienza del futuro: per Teilhard essa avrà sempre di più come oggetto l'uomo e si configurerà come scienza dell'energia, delle sue forme fisiche, psichiche, mistiche. In questa fase la scienza si congiungerà alla religione: «Dopo due secoli di lotte appassionate, né la Scienza né la Fede sono riuscite reciprocamente a diminuirsi; ma al contrario si fa manifesto che l'una senza l'altra non potrebbero svilupparsi normalmente: e questa per la semplice ragione che una stessa vita le anima entrambe». Religione e Scienza si presentano come due facce di uno stesso atto di conoscenza.

Insomma si può dire che Teilhard De Chardin con questa opera abbia anticipato molti spunti del dibattito odierno che vede confrontarsi evoluzionisti, creazionisti e sostenitori del "disegno intelligente". Interessante è anche il rapporto che lega scienza e fede delineato dall'autore:



non un antitesi, ma una collaborazione al fine di comprendere in maniera sempre più esaustiva il Passato ed il Futuro dell'Evoluzione.

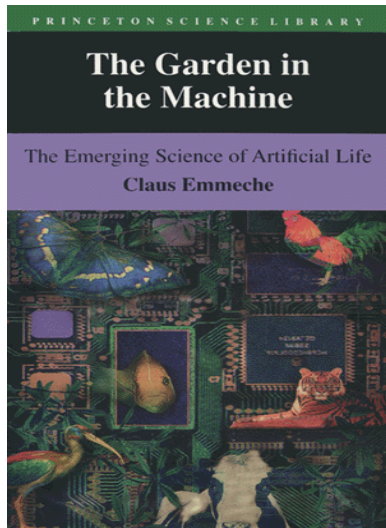
Stefano Liccioli

Idee per una rilettura

Il giardino nella macchina

La nuova scienza della vita artificiale

Claus Emmeche
Bollati Boringhieri, 1996



È possibile la vita artificiale? In che modo gli strumenti offerti dalla teoria della computazione possono gettar luce sui principi generatori dell'architettura della vita? Cosa può rivelare lo studio della vita artificiale riguardo all'evoluzione della vita tradizionalmente concepita? Secondo Claus Emmeche, biologo teorico danese, ricercatore presso l'Università di Roskilde e il Niels Bohr Institut di Copenaghen, le risposte a tali quesiti devono essere individuate dentro una macchina potente e complessa *almeno* quanto il corpo umano: il calcolatore digitale.

La biologia tradizionale ha, da sempre, focalizzato l'attenzione sulle 'basi materiali' della vita. Tale prassi metodologica, volta alla scomposizione e alla ricomposizione

delle parti costitutive di un organismo vivente, ad un certo punto, però, si arresta. Improvvisamente, la vita che stavamo descrivendo ci sfugge dalle mani (p.8). Occorre, sostiene Emmeche, recuperare un approccio più globale al problema della vita e integrare le classiche descrizioni basate sulla biochimica, o sulla genetica con i modelli matematici dei sistemi biologici, oltre che dialogare con le principali correnti filosofiche derivanti da questo progetto di ricerca.

Secondo i sostenitori della vita artificiale, la vita si configura come *un processo* svincolato dal tipo di materia, o energia, in grado di generarla, per diventare pura forma, un insieme di patterns strutturali implementabili in un calcolatore (p.9).

Indagare i rapporti tra la vita artificiale e la vita tradizionalmente intesa, conduce Emmeche a confrontarsi con le principali correnti epistemologiche della biologia. Come conciliare l'ipotesi della vita artificiale con la visione realistica della biologia? Le teorie biologiche 'standard' non pretendono di 'simulare' o raffigurare la realtà, ma esse *sono* la realtà. DNA, RNA, proteine, non sono solo concetti di una data teoria scientifica, ma sono entità reali di cui gli scienziati indagano il funzionamento. Scoprire i meccanismi della divisione cellulare, o descrivere matematicamente l'architettura del DNA, significa, per il biologo, essere penetrato dentro il *corpo* stesso della natura. Il teorico della vita artificiale, invece, si trova in una situazione molto più incerta: ciò che scopre deve essere considerato anch'esso parte del linguaggio della natura, o rappresenta soltanto il comportamento digitale di oggetti matematici astratti senza nessun riferimento alla realtà biologica tradizionalmente intesa?

La vita artificiale, osserva Emmeche, induce a ripensare anche il rapporto che abbiamo con gli oggetti di indagine della biologia. L'importanza accordata al ruolo della simulazione, attraverso



un programma, o un agente artificiale, implica almeno una duplicazione della realtà da indagare. Il ricercatore è libero di esplorare ‘nuove leggi naturali’, di simulare nuovi universi biologici governati da leggi fisiche alternative. Diventa libero di creare “la biologia dell’impossibile”: una scienza che “ha rinunciato alla sfida di procurarsi un’immagine fedele di un unico mondo reale, assumendosi, invece, l’incarico di esplorare le possibilità e le impossibilità di mondi virtuali”(p.166). In questa prospettiva, la biologia diventa scienza ‘postmoderna’, ‘modale’, che “passa dalla necessità alla possibilità” (p.167).

La biologia, secondo Emmeche, non si limita a raffigurare la realtà attraverso una modalità non mediata. Le teorie scientifiche, non solo quelle biologiche, non sono semplici copie, “ma contribuiscono a costruire gli oggetti che esse congiungono in un tutto razionale” (p.168). Un concetto come ‘eco-sistema’, per esempio, è frutto di una logica compositiva ben precisa: esso include concetti ugualmente astratti come ‘popolazione’, ‘ambiente’, ‘biomassa’, ecc. Secondo questa impostazione, ciò che caratterizza la biologia computazionale è la creazione di “simulacri di secondo ordine, cioè di copie delle copie” (p.169).

I modelli computazionali, come i modelli classici, creano e costituiscono gli oggetti che imitano. Non per questo, ammette Emmeche, lo scienziato è autorizzato a fare a meno di qualsiasi riferimento alla realtà biologica (p.169). Allo stesso tempo, la biologia dell’artificiale stimola nuovi quesiti interni alla biologia stessa e induce a ripensare la “frontiera tra una biologia piatta e sperimentale e una biologia oscura e troppo teorica”(p.170).

La ‘destrutturazione’ dell’oggetto della biologia, per mezzo degli studi sulla vita artificiale, ha degli effetti benefici anche nei confronti della ‘pratica’ della biologia: da una parte attenua la tendenza del biologo teorico a rifugiarsi in visioni a volte ‘troppo metafisiche’, residui tutt’ora attivi della passata influenza vitalistica, dall’altra stimola il confronto con discipline affini quali la logica, l’informatica, la matematica, considerate varietà biologiche anch’esse, alla pari delle varietà naturali. La conoscenza stessa, osserva Emmeche, ha una struttura matematica, frattale, per l’esattezza: appena il ricercatore raccoglie un nuovo frammento di conoscenza e si spinge sempre più in profondità, allo stesso tempo, estende i limiti dell’ignoto.

Illustriamo, adesso, i sette punti fondamentali della concezione della vita artificiale (p.29):

- 1) La vita artificiale non è legata alla particolare forma di vita *terrestre*. La biologia tradizionalmente intesa si occupa di una biologia particolare, quella del pianeta Terra, mentre la biologia artificiale considera anche forme di vita potenziali. Si passa, così, da una biologia sperimentale a una biologia ‘modale’.
- 2) La vita artificiale si caratterizza per l’utilizzo del metodo sintetico: si pone l’obiettivo di sintetizzare la vita *nel* calcolatore, o attraverso altri mezzi, o attraverso processi alternativi a quelli naturali.
- 3) Ipotesi del realismo: il comportamento degli organismi artificiali deve essere considerato reale quanto quello dei corrispettivi naturali.
- 4) Tutta la vita è forma: né la vita reale né quella possibile sono determinate dalla materia che le compone. L’essenza della vita è la forma di un processo, non la materia di questo processo.
- 5) Programmazione *bottom-up*: si definiscono delle piccole unità di livello locale, con precise regole di interazione e si osserva il comportamento globale coerente che si manifesta a livello generale. Il comportamento ‘globale’ manifesto non risulta essere governato dalle regole locali



che regolano le interazioni tra le parti. È il processo denominato ‘auto-organizzazione simulata’.

6) Elaborazione parallela dell’informazione.

7) Ammissibilità dell’emergenza. La vita non viene progettata in anticipo, ma emerge in modo complesso da un insieme di unità semplici che interagiscono in modo non lineare.

Possiamo concepire, precisa Emmeche, la ricerca nel campo dell’artificiale come una filosofia sperimentale ispirata dalla biologia, “che indaga a quali condizioni qualcosa può essere considerato vivo, dotato, cioè, di esistenza biologica” (p.33).

I biologi contemporanei sono concordi nel ritenere che non vi sia *una* sola definizione di vita: esistono la definizione fisiologica, la definizione metabolica, quella biochimica, quella genetica, la definizione termodinamica. Tali letture, ciascuna dal proprio angolo visuale, tratteggiano però una visione prototipica e parziale della vita, che non è in grado di coglierne gli elementi formali e strutturali. Qualsiasi cosa sia la vita, secondo la lettura dominante in biologia teorica, essa è caratterizzata dalle seguenti proprietà (si confronti con i precedenti ‘assiomi’ della vita artificiale) (p.48):

1) La vita è una configurazione spazio-temporale, più che un oggetto materiale specifico.

2) La vita è un processo riproduttivo.

3) La vita è autorappresentazione: il codice genetico contiene una ‘copia’ compatta dell’informazione di un organismo.

4) La vita è un insieme di processi metabolici.

5) La vita intraprende interazioni funzionali con l’ambiente.

6) Esiste una dipendenza critica della vita nei confronti delle parti che compongono un organismo.

7) La vita mantiene una stabilità dinamica di fronte alle perturbazioni.

8) La vita ha la capacità di evolversi.

Come la vita organica consuma energia per darsi un’organizzazione specifica, la vita digitale può essere concepita come ‘consumatrice’ del dispositivo di calcolo principale del calcolatore: la CPU. Così, se la vita tradizionalmente intesa si evolve per mezzo della selezione naturale, la vita digitale si evolve per mezzo della competizione tra gli algoritmi dei programmi installati nella macchina: i programmi, allora, possono essere concepiti come veri e propri abitanti dell’ecosistema calcolatore, rappresentato dalla memoria, dalla CPU e dal sistema operativo. Come i computer, sostiene Emmeche, tutti gli organismi viventi sono in parte analogici e in parte digitali: il programma digitale dell’ameba, per esempio, interagisce con il mondo esterno attraverso l’ameba ‘analogico’, cioè, attraverso la struttura fisica del corpo dell’organismo (p.56). Ma saremmo altrettanto autorizzati ad attribuire un ‘corpo’ anche a un programma antivirus, per esempio? Ad oggi, inoltre, non sembra che i virus, o qualsiasi altro programma, siano in grado di evolversi autonomamente, ne tantomeno di riprodursi senza l’intervento del programmatore umano. Secondo una lettura forte del funzionalismo biologico, i programmi antivirus (o qualsiasi altro programma) non sono meno vivi delle strutture emergenti di *Life*, il noto mondo artificiale inventato dal matematico John Conway, o degli anelli riproduttivi di Chris Langton, nei quali le cellule gemmano fino a creare delle vere e proprie colonie. Secondo



una lettura debole del funzionalismo biologico, invece, tali comportamenti devono essere considerati soltanto come la rappresentazione visiva di un dato tipo di formalismo matematico.

La caratteristica principale dei calcolatori moderni, afferma Emmeche, è la capacità di simulare un'altra macchina (per esempio, la macchina da scrivere, o la macchina calcolatrice, ecc). Secondo tale accezione, un calcolatore digitale può essere considerato una macchina del *secondo ordine* che simula, per mezzo di specifici algoritmi, una o più macchine del *prim'ordine* (per esempio un programma di elaborazione di testi). In quest'ottica, un programma antivirus, per esempio, è concepito come una macchina (un automa) del prim'ordine simulabile in una macchina del secondo ordine (il calcolatore stesso).

I programmi diventano, così, degli ambienti *reali* in grado di simulare la vita. Grazie ai software di computer graphic, è possibile generare, attraverso la programmazione ricorsiva, strutture molto simili alle piante. Incredibilmente, una foglia di felce frattale generata al calcolatore, le cui parti possiedono una struttura autosimile all'intero, assomiglia moltissimo a una foglia di felce reale: i rapporti costanti che caratterizzano la topologia vegetale diventano, così, simulabili all'interno di un computer. Naturalmente, osservare, realizzare al calcolatore una foglia di felce non significa comprendere i meccanismi biologici che producono la pianta reale: esattamente come realizzare un programma che modella il ragionamento logico, non significa aver compreso come i nostri dispositivi cognitivi rendono possibile la logica. È possibile, però, concepire la foglia di felce come il risultato dell'applicazione ricorsiva di un insieme di regole genetiche relativamente piccolo: una serie di algoritmi per la foglia di felce, o per l'ago di pino. Tali istruzioni dovranno essere presenti in ogni singola cellula della pianta, così che "l'algoritmo per l'ago di pino può essere applicato ogni volta che deve essere creato un ago" (p.87). Nel mondo *analogico* la situazione appare molto più complessa: il DNA, per esempio, non contiene un'informazione esplicita relativa all'organizzazione morfologica e funzionale di ciascuna proteina caratteristica, ma interagisce con l'RNA e con le proteine stesse. Sapere che una stessa routine viene richiamata ed eseguita varie volte, non basta a chiarire la natura della forma e della funzione precisa di una mano, di un albero, di un organo complesso come il cervello umano o di un essere vivente come una tigre.

Nonostante i suoi limiti, la ricerca nel campo della biologia computazionale ha prodotto alcune applicazioni interessanti. I modelli della macroevoluzione al calcolatore consentono ad esempio di acquisire una migliore comprensione dei processi evolutivi a lungo termine; la modellizzazione di ecosistemi naturali permette di indagarne le complesse dinamiche non lineari; i programmi di chimica artificiale simulano i corrispettivi esperimenti di biologia molecolare; le reti genetiche permettono di ricostruire il comportamento dinamico delle possibili architetture genetiche e gli algoritmi genetici sono in grado di riprodurre i complessi fenomeni di mutazione e ricombinazione cromosomica.

La tesi forte della vita artificiale, precisa Emmeche, induce a considerare la computazione stessa come forma di vita (p.127). Dal punto di vista della biologia artificiale, la computazione può essere considerata come il prodotto "che deriva dalla sinfonia di interazioni informative della rete bioneurale, il cosiddetto brodo computazionale subsimbolico"(p.129). Secondo tale accezione, l'oggetto stesso della computazione, il simbolo, diventa una *configurazione* virtuale



con un comportamento specifico, esattamente come le strutture emergenti di *Life* (p.129). Allo stesso tempo, il teorico della biologia artificiale riconosce l'esistenza di limiti fisici alle computazioni: i processi computazionali sono anch'essi asserviti alle leggi fisiche naturali e tali leggi sono descritte matematicamente. Per il biologo dell'artificiale, però, le computazioni non sono solo enti matematici astratti, ma sono, altresì, oggetti suscettibili di indagine empirica. Per questo, conclude Emmeche, il fatto che il mondo naturale sia *percepibile* anche per mezzo di un calcolatore, induce a considerare la matematica e la logica pura alla base dell'architettura del computer digitale, anch'essi universi biologici suscettibili di indagine sperimentale.

Alberto Binazzi

Intervista **Telmo Pievani**

La filosofia della biologia come strumento di ricerca

Nel percorso compiuto in questo numero di Humana.Mente, che ha voluto esplorare alcune tematiche della biologia e della filosofia della biologia, abbiamo voluto intervistare il professor Telmo Pievani, professore della facoltà di Scienze della Formazione presso l'università Bicocca di Milano ed uno dei filosofi della biologia più attivi, sia nella ricerca che nella comunicazione. Con lui abbiamo voluto discutere dell'attuale stato della ricerca evolutiva e genetica, nonché analizzare il ruolo della filosofia della biologia come strumento della ricerca e come tramite della sua comprensione.

1. Vorrei cominciare il nostro discorso ponendole una domanda piuttosto generale sulla teoria dell'evoluzione, che credo ci permetterà di contestualizzare anche le domande successive. È noto che la teoria dell'evoluzione si impose prima che la genetica permettesse di comprenderne i meccanismi. Ciò non può che metterne in evidenza il grande potenziale esplicativo. Quali sono stati e quali continuano ad essere i punti di forza di questa teoria?

In una conferenza tenuta l'anno scorso, ricordo che Antonello La Vergata ha citato un passaggio di una lettera in cui Darwin dice di aver costruito la sua teoria partendo dal tetto e non dalle fondamenta, quindi da un punto di vista naturalistico macroevolutivo, osserva e trova il meccanismo di variazione e selezione e lo formula, quindi è interessante che quando poi si sono scoperte le fondamenta molecolari si sono rivelate completamente compatibili.

2. Fra l'altro Darwin, sulla teoria dei pangeni, ha molti più contatti con le precedenti teorie epigenetiche che con la genetica...

Il fatto interessante è che quando poi, con la sintesi moderna, mendelismo e darwinismo si fondono insieme, si scopre a posteriori che il mendelismo era necessario per il fondamento del meccanismo di selezione naturale, perché la pangenesi, con questa idea del processo ereditario per fusione è chiaramente incompatibile con il processo di selezione naturale. È necessario, perché una variazione venga acquisita, che la mutazione sia discreta e si diffonda nella popolazione, mentre nell'ipotesi di una fusione, il mutante che all'inizio è vantaggioso finisce subito per perdersi nella popolazione. Trovo molto interessante il fatto che con la pangenesi Darwin produca una contraddizione teorica, e che solo con il mendelismo, molto tempo dopo, il quadro diventa coerente. La visione dell'ereditarietà discreta che il mendelismo propone, non è solo compatibile con il meccanismo di selezione, ma lo rafforza. È da questo



incontro teorico che nascono poi la genetica di popolazione e quel programma potentissimo che è la sintesi moderna che dagli anni trenta in avanti.

Secondo me, un grande tema di filosofia della biologia è capire cosa sta avvenendo oggi alla sintesi moderna. Ci sono diversi sostenitori della biologia dello sviluppo, dell'Evo-Devo, con posizioni molto radicali, i quali che oggi stiamo andando verso una nuova teoria dell'evoluzione, con un nucleo esplicativo nuovo, alternativo. Mentre altri, secondo me più correttamente, sostengono che quello che sta succedendo oggi è una sorta di evoluzione del programma di ricerca evolutivo. A me piace immaginarlo così, come un programma di ricerca alla Lakatos, con un nucleo centrale ed una cornice di assunzioni ausiliarie all'interno delle quali è possibile accogliere qualsiasi tipo di variazione, senza da ciò fare crollare il nucleo centrale della teoria.

A riguardo, a me piace molto la proposta elaborata recentemente da Massimo Pigliucci negli Stati Uniti, che parla di un programma di ricerca evolucionistico esteso, cioè una sintesi evolucionistica che nel suo nucleo ha ancora le stesse fondamenta della teoria di Darwin, ovvero i fattori di variazione, selezione, deriva, i fattori macroevolutivi. Al di fuori di questo nucleo, invece, si stanno avvicinando diversi dibattiti e molte convinzioni stanno mutando. A riguardo, si parla di modelli di ereditarietà pluralisti come quelli che propongono Jablonka e Lamb, di un'idea di evoluzione a più livelli, ci sono le novità introdotte dall'Evo-Devo, una nozione di modularità che diventa sempre più indispensabile. Sono in corso diverse analisi che stanno aggiornando il programma di ricerca evolutivo, senza però sostituire o rendere regressivo il nucleo centrale del programma. Questa di Pigliucci è, secondo me, una buona chiave di lettura dell'attuale stadio della situazione attuale.

3. Talvolta si confonde, dopo la sintesi, che la variazione prevista nel nucleo sia esclusivamente genetica, ed allora sembra quasi un cambiamento nell'evoluzione della specie che non sia di origine esclusivamente genetica, mettere in crisi la teoria di Darwin, ma Darwin non parla di genetica.

Sono d'accordo. Io penso che la chiave di lettura che Gould propone per la teoria dell'evoluzione sia ancora buona. Lui afferma, con accenti anche radicali, che l'evoluzione oggi ha bisogno di un darwinismo coerente con la sua storia, ancora forte nel suo nucleo, ma capace di accogliere una pluralità di fattori. Oggi si è passati, per esempio, dalle polemiche di trent'anni fa, fra puntazionismo e gradualismo come se fossero alternative esclusive, nel chiedersi se la speciazione avvenga in modo graduale, lento e progressivo, oppure in modo rapido e punteggiato, all'idea che la spiegazione evolucionistica oggi abbia raggiunto un livello di pluralismo di fattori. Al giorno d'oggi si riflette sulla frequenza relativa con la quale troviamo in natura processi di speciazione rapida, punteggiata, e quante volte troviamo trend di evoluzione lenta e graduale. Obiettivo di questa ricerca sarà dunque lo studio delle frequenze dei diversi *patterns*, l'analisi dei domini, ovvero delle condizioni ecologiche e dei fenomeni naturali, che possono favorire una speciazione di un certo tipo.



Ciò vuol dire che probabilmente stiamo andando verso un modello di spiegazione biologica più per unificazione che per non di tipo nomologico classico. Per unificazione intendiamo un contesto in cui io ho una pluralità di *patterns*, devo vedere quanto sono frequenti, e la spiegazione consiste nell'attribuire il pattern corretto ad una sequenza storica che studio attraverso particolari condizioni. In questo contesto diventa importante il modo in cui analizziamo il dominio di pertinenza. Quando viene individuata una regolarità, un certo meccanismo, non è più sufficiente descriverlo, ma bisogna specificare in quali condizioni è valido, qual è il suo dominio di pertinenza, quanto è importante in natura, in quanti casi è una buona spiegazione. Questa secondo me è una direzione interessante per la spiegazione in campo evoluzionistico, non in senso biologico in generale.

4. Quali sono invece i problemi ancora aperti relativamente alla teoria dell'evoluzione?

Nella cintura le grandi questioni in corso di dibattito sono tre. La prima riguarda i ritmi dell'evoluzione, e parallelamente i *patterns* che riguardano la velocità del cambiamento evolutivo. La seconda questione filosofica fondamentale è relativa ai livelli dell'evoluzione, ovvero a quali siano le entità dell'evoluzione, a quanti e quali livelli si collocano, quale ruolo abbiano i geni, gli organismi, le popolazioni, le specie, gli ecosistemi, ed in quale contesto è corretto dare loro peso. Ora, ad esempio, sta tornando di moda il dibattito sulla selezione di gruppo e piuttosto che sul singolo individuo. L'altra questione coincide con uno dei grandi temi filosofici da sempre discusso, ovvero il rapporto fra forma e funzioni, o strutture e funzioni, che torna fuori prepotentemente con L'Evo-Devo, per i cui risultati non si può più escludere che il gioco evolutivo sia un gioco in cui la selezione non fa quello che vuole, in modo funzionalistico stretto, plasmando gli organismi, ma agisce su di loro, che a loro volta sono portatori di strutture vincolanti. È un gioco di pressioni esterne e di resistenze strutturali. Questi sono i grandi temi della cintura. Qui possiamo litigare, avere opinioni diverse, fra funzionalismi e strutturalisti, fra puntazionisti e gradualismi, ma a ben pensarci, ripeto, nessuno di questi temi tocca i fattori fondamentali contenuti nel nucleo della teoria dell'evoluzione.

5. Il panorama è sicuramente molto variegato quanto interessante. Come deve porsi il filosofo della scienza di fronte a questi nuovi contesti di ricerca?

Questo complica tanto le cose per un filosofo della scienza, perché se le cose stanno così, quando esce un *paper* ben fondato in cui emerge l'eccezione ad una norma che consideravamo molto generale, al limite anche delle leggi mendeliane, come è successo qualche tempo fa, non vuol dire più che ci troviamo di fronte ad una confutazione di quella regola, ma siamo davanti ad una ridefinizione del suo dominio di pertinenza. Vuol dire che la regolarità individuata vale tranne per una serie di domini per le quali valgono *patterns* differenti. Diventa molto più complicato dominare i *patterns* esplicativi, non è più così semplice.

6. Una critica spesso mossa dai filosofi della scienza (di formazione fisica) alla biologia, consiste nel dire che l'accettazione della teoria dell'evoluzione non permette di dare una



definizione di una specie senza clausole *ceteris paribus*, limitando di conseguenza il valore conoscitivo della biologia. A riguardo, le chiedo se esistono, e nel caso quali sono, limiti o condizioni epistemologiche nell'analisi della teoria dell'evoluzione?

È un dibattito antichissimo. Darwin stesso lo ha vissuto in prima persona, quando Lord Kelvin lo contraddice con tutta l'autorevolezza del grande fisico vittoriano dicendo che l'evoluzione non può essere vera perché non c'è stato un sufficiente lasso di tempo. I fisici calcolavano l'età della terra senza considerare il decadimento radioattivo e quindi davano indicazione di un certo lasso temporale che era incompatibile con la spiegazione evoluzionistica. In quel caso si creò una sorta di conflitto diametrico fra la spiegazione fisica e quella di Darwin che, è interessante da notare, non trova delle scuse, ma ribadisce che, perché l'evoluzione possa avere avuto il suo corso, ha bisogno di lasso di tempo molto maggiore di quello stabilito al tempo dai fisici. Darwin fece la classica previsione rischiosa, sostenendo che se il dato di Lord Kelvin sarebbe stato confermato, la sua teoria poteva essere riposta in un cassetto. Lui muore nel 1882 senza risolvere questo dubbio, solo 20 anni dopo, con la scoperta della radioattività, si scopre che la terra ha miliardi di anni. Gould raccontava sempre questa storia perché indicativa dello scontro fra due modelli esplicativi, da una parte una scienza basata su leggi universali quantitative, dall'altra parte una scienza che ha a che fare con la storia. Oggi questa polemica ha davvero poco senso, ed a riguardo voglio fare due esempi.

Se prendiamo in considerazione l'attuale impianto esplicativo evoluzionistico e gli applichiamo un criterio di unificazione, possiamo vedere che con pochi fattori, che sono la selezione, la variazione, la deriva e la struttura popolazionale, possiamo spiegare una vasta gamma di fenomeni. La teoria dell'evoluzione è di una sinteticità sensazionale, e parallelamente è una teoria molto elegante. Questo dovrebbe far riflettere i filosofi della scienza più critici.

Poi si potrebbe fare un ragionamento inverso. Pensiamo a quante cose stanno avvenendo in alcuni campi della fisica oggi. Anche la fisica scopre la storia, scopre che lo studio delle particelle elementari coincide con i primi attimi dell'universo, e di conseguenza ha dovuto modificare i propri apparati esplicativi. Questo scontro non ha più senso. Un altro punto di ingresso che lo rende anacronistico è che viceversa in alcuni campi dell'evoluzione oggi c'è un grado di studio quantitativo elevatissimo, pensiamo al sequenziamento genomico, o a certi campi della filogenesi molecolare.

7. Fra l'altro anche la fisica sta accettando sempre più elementi indeterministici all'interno della propria teoria, e se questo poteva essere il grande contrasto fra la biologia e la fisica, dal momento in cui entrambe hanno il proprio momento casuale, che sia la mutazione o il salto di un elettrone, o la componente indeterministica nello sviluppo cellulare.

Come studio epistemologico il campo biologico è interessantissimo oggi, proprio per questi motivi. Ci troviamo di fronte ad una base empirica molto differenziata, ma abbiamo un programma di ricerca in grado di darne conto in modo coerente. Ci sono poi tante questioni non indispensabili nel programma di ricerca, relative solo alla sua cintura, ma che risultano



molto interessanti, come quelle che abbiamo citato in precedenza. Lo studio epistemologico di questo campo è una delle cose più promettenti nel campo della filosofia della scienza. Purché lo si faccia prendendo a prestito il rigore dei filosofi della fisica, lavorando sulla frontiera della ricerca, con i biologi evolucionistici, vedendo cosa sta succedendo in laboratorio, con attenzione a tutte le novità, e sgranandole filosoficamente per cercare di capire qual è la sfida epistemologica al loro interno.

8. Prendo spunto per la prossima domanda dall'ultimo libro di Eva Jablonka e Marion Lamb, *l'evoluzione in quattro dimensioni*. Nel libro il comportamento e la componente linguistica vengono associati in maniera piuttosto robusta ai sistemi genetico ed epigenetico. Queste *quattro dimensioni* sono, secondo le autrici, tutte in grado di produrre variazioni che possono risultare vantaggiose ed essere selezionate dall'ambiente. Come valuta questa analisi?

Nel libro ci sono due meriti grandissimi, ci fa capire che nella sintesi moderna avevamo sottovalutato una serie di aspetti, come la molteplicità di sorgenti possibili di variazione. In maniera più indiretta, ma comunque centrale, le posizioni di Jablonka ci fanno capire che abbiamo sbagliato a considerare l'organismo come un soggetto passivo dell'evoluzione, mosso passivamente dalle regole della selezione naturale. L'organismo è invece un costruttore di nicchie, elemento importante perché fa capire una serie di aspetti evolucionistici meglio del programma di ricerca precedente, in quanto riscopriamo l'organismo come soggetto attivo nell'evoluzione, che trasforma la nicchia ecologica che poi dopo ritorna su di lui attraverso pressioni selettive. Tutto questo è fantastico perché estende in modo molto fecondo la spiegazione evolucionistica.

Quello su cui ho dei dubbi è quanto siano realmente frequenti i fenomeni a cui lei dà così grande importanza. Ci sono esempi come quello dell'addomesticazione delle volpi selvatiche, che illuminano degli aspetti particolari, ma fino a che punto possiamo davvero considerare questi casi come fattori generali di evoluzione? Possiamo davvero inserirli all'interno del nucleo della spiegazione evolucionistica? Io non nego che siano importanti, ma non al punto da trasformarli in un nuovo fattore di evoluzione. Pensiamo alla deriva genetica, a quanto è stata osteggiata negli anni trenta, e a come solo dopo 50 anni ci siamo accorti del fatto che tantissime varianti geniche si fissano casualmente per deriva. Ora non ci sono dubbi nell'ammettere la sua importanza nell'analisi evolutiva. Questo non lo concederei al momento ai fenomeni descritti da Jablonka.

9. Inoltre uno dei punti fermi della teoria dell'evoluzione è quello di distinguere fra variazione ed ambiente selettore

Infatti su questo, io e Jablonka, abbiamo già discusso. Con il fatto che lei si concentra solo sulla variazione, ci troviamo di fronte ad un approccio selezionista fortissimo. A lei interessa solo diversificare la variazione, affidando tutto il resto alla selezione naturale. Secondo me è più interessante sfidare la spiegazione ultradarwinista lavorando anche sull'aspetto selettivo, come faceva Gould, dicendo per esempio che ci sono molti tratti non adattativi, dove gli



aspetti non strutturali sono importanti quanto quelli strutturali. Invece, ad Eva Jablonka interessa quasi esclusivamente pluralizzare la variazione, cioè la materia prima dell'evoluzione affidando tutti gli aspetti dell'evoluzione che ne restano al di fuori alla selezione naturale.

La teoria dei sistemi di sviluppo, secondo me, è più generalizzabile, perché lavora proprio sull'idea che l'unità fondamentale dell'evoluzione non sia il singolo organismo, ma l'organismo e la nicchia in cui è immerso.

10. Ogni volta che una nuova scoperta genetica viene divulgata, mi sembra che la principale paura (laica) sia che queste ricerche possano dare una direzione al processo di evoluzione. Nota anche lei questa distanza della ricerca scientifica dalla sua ricezione? E, nel caso, in che modo queste ricerche vengono fraintese?

Io penso che questa distanza esista, e mi chiedo di chi sia la maggiore responsabilità. Se dobbiamo dare più responsabilità agli esponenti della comunità scientifica, e talvolta è vero, o più a chi osserva criticamente e attribuisce significati a quello che gli scienziati stanno scoprendo, o forse, e questa è la risposta che io preferisco, se in realtà l'anello debole sia nella catena di comunicazione, cioè in quello che succede da quando esce un *paper* su di una rivista scientifica a quando la notizia arriva al quotidiano. In questa prassi accade qualcosa che è spesso deleterio nel modo di comunicare specialmente le scoperte genetiche. Ad esempio, quando uscì il *paper* sullo studio delle correlazioni genetiche sull'omosessualità, veniva presentata un'analisi in cui veniva riscontrata una correlazione, su 200 coppie di gemelli omozigoti, del trenta per cento. Da questi risultati, fino alla notizia della scoperta del gene dell'omosessualità, c'è un abisso enorme ed ingiustificato. A ciò si affianca l'idea sbagliata eppure largamente accettata che il genoma sia una scatola degli attrezzi dalla quale, con uno schioccare di dita, saltano fuori fenotipi oppure, a peggior ragione, le specie, come ho sentito dire recentemente. Continua a perdurare il fraintendimento per il quale, se io scopro che c'è una mutazione sistemica che altera il piano corporeo di un organismo, allora quella è la spiegazione della speciazione. Come se un ornitorinco, facendo riferimento ad un articolo di qualche tempo fa, può emergere come specie perché una mutazione sistemica produce l'ornitorinco. Continuiamo sempre a dimenticarci che il processo di speciazione ha bisogno di una popolazione, di un contesto ecologico, di una separazione fisica, di una rottura di un flusso genico fra due popolazioni, di un antenato, di discendenti, di una ramificazione. Una mutazione sistemica è una scoperta importantissima, perché ho scoperto una rete di connessione all'interno del genoma, ma è necessario contestualizzarla.

11. Lo stesso vale per l'ingegneria genetica?

È la stessa cosa. Sopravvalutare il ruolo dei geni e non essere capaci di metterli nel contesto in cui sono. Io la vedo dal punto di vista diametralmente opposto. Quello che sta succedendo oggi è che noi scopriamo una cosa che filosoficamente sapevamo da tanto tempo, che in questa analisi diventa palese. Quando abbiamo a che fare con un sistema complesso, quindi non lineare, fatto da una trama di relazioni tra componenti come noi sappiamo essere il



genoma, per capire come funziona è necessario manipolarlo. Per capire com'è strutturata una rete di relazioni, non è sufficiente osservarla dall'esterno una volta che ha prodotto il fenotipo, è necessario andare a vedere cosa accade se viene alterata in un punto e quali effetti si producono. Solo così io riesco a conoscerla, ma questo è un paradosso filosofico, perché è ovvio che andando a intervenire sul sistema, perturbo, manipolo, modifico intenzionalmente, ma è solo manipolando che io riesco a capire come funziona. C'è un'ambiguità etica, ma non si tratta semplicemente di scegliere tra bene e male. Nella conoscenza è insita la manipolazione, la modificazione. È tutto un gioco di buon senso, si tratta di capire quando una manipolazione è fine a se stessa e puramente deleteria. In futuro dovremo interrogarci sulla programmazione genica. Mi chiedo se ha senso andare in futuro a programmare degli organismi sulla base di criteri estetici. Secondo me non ha molto senso, perché non ci fa capire niente di nuovo, non è utile. Laicamente non ho nessuna remora a dire che in futuro dovremo interrogarci su quali limiti porre alla programmazione genica. Ma il dibattito oggi è completamente falsato.

12. Spesso si mostra come una dimostrazione di potenza.

Infatti. All'interno ci sono possibilità di conoscenza e di nuove terapie, ma anche l'inutile ed il deleterio. È tuttavia impossibile uscirne dicendo semplicemente cosa sia il bene e cosa il male. Non si può stare chiusi nelle proprie posizioni né da laici né da religiosi.

13. Che cos'è un gene? Quanto c'è in un gene? Sono due esempi di domande che sembrano animare il dibattito filosofico più di quello strettamente biologico. Nella sua esperienza di filosofo della scienza, qual è il feedback che la biologia riceve dalla filosofia e qual è il ruolo della filosofia della biologia?

È un tema a cui io tengo molto e che in Italia si vive ancora in maniera ridotta. Tuttavia, come nota ottimistica, conosco tanti ricercatori giovani, e non solo, che hanno capito due elementi fondamentali e che ritengono importante il rapporto con i filosofi della biologia. In primo luogo hanno compreso l'importanza degli aspetti epistemologici della loro ricerca, e quindi ambiscono a lavorare con dei filosofi, anche in team, come è da tempo negli Stati Uniti. Lì, io stesso faccio parte di un team, che svolge un programma di ricerca sulla teoria gerarchica dell'evoluzione. Lì ci sono biologi molecolari, paleontologi, ed il mio ruolo di filosofo della scienza è proprio all'interno dell'equipe. Io devo occuparmi della retorica del *paper*, ovviamente, ma anche delle compatibilità teoriche, cioè di capire se una proposta teorica fatta dal nostro gruppo è una alternativa, una confutazione o una integrazione di quello che propone un altro gruppo con un'altra ricerca. Il filosofo inoltre della scienza è importantissimo nelle tassonomie e nell'analisi dei *patterns* che valgono in certi domini di pertinenza. Deve, quando si presenta un pattern che vale in un dominio di pertinenza, in una certa tassonomia, ed uno che vale in un'altra, capire quante sovrapposizioni ci sono, cioè quanto è rigorosa quella tassonomia concettuale. Poi è importante nella terminologia, nello scegliere il nome da dare, nel definire i concetti su cui lavoriamo. Non siamo ancora a questo in Italia, ma spero ci arriveremo. Sono molti gli esempi che mostrano che un filosofo della scienza può lavorare in equipe interdisciplinare con scienziati. Certo sarà un lavoro differente da quello classico del



filosofo della scienza che studia da fuori le teorie, guarda solo come sono fatte e come si evolvono.

In Italia ci sono tantissimi biologi, giovani e non, che capiscono non solo che con le loro ricerche hanno un risvolto teorico e filosofico importante, ma capiscono che lavorare con un filosofo permette loro di capire meglio quello che stanno facendo. Ma è qualcosa di differente dal filosofo che arriva a posteriori e spiegare allo scienziato quello che ha già capito, perché tutti e due, il biologo ed il filosofo, possono capire molto di più lavorando a stretto contatto. D'altro canto, questo è possibile solo se il filosofo ha una ottima competenza biologica, e se si lavora su problemi specifici. Prendiamo come esempio la simbiosi. In un caso simile è necessario interrogarsi su quanti tipi di simbiosi ci sono, su che tassonomia ne facciamo, sul rapporto fra il proprio studio con il paradigma classico, valido fino a quel momento. Queste sono peculiarità in cui il filosofo può dare un contributo notevole.

14. Lei si occupa, tra le tante cose, di raccontare la scienza e di analizzarne le ragioni anche al di fuori dell'ambito accademico. Le chiedo, rispetto ad uno scienziato che cerca di rendere accessibili i risultati della propria materia, quanto può e quanto deve dare in più un filosofo in questa attività?

Una cosa ormai compresa dagli scienziati è che l'epistemologia è anche un ponte per gli aspetti comunicativi della scienza. La comprensione degli aspetti epistemologici di una teoria o di un esperimento è l'unico modo che abbiamo per sanare i disastri che facciamo con questo rasoio di Ockam nel momento in cui la notizia passa dal *paper* al quotidiano, defezione per cui la correlazione al 30% diventa la scoperta di un gene. L'epistemologia deve porsi, in qualche modo, fra la comunicazione della scienza verso l'esterno, e la ricerca scientifica all'interno della comunità scientifica. Perché se io, filosofo, devo comunicare quello che ha scoperto uno scienziato e devo farlo in modo non banalizzante, non semplificante, in modo coinvolgente, devo farlo sempre partendo dalla conoscenza teorica di quello che lo scienziato sta facendo.

Torniamo al caso dell'ornitorinco. Di fronte ad un articolo banalizzante, a cui la scienza deve controbattere per evitare fraintendimenti, la risposta migliore la può dare uno che ha una consapevolezza anche di tipo epistemologico in grado di spiegare l'interesse delle nuove scoperte, ma anche i motivi per cui tale scoperta non confuta il darwinismo. C'è bisogno di una buona filosofia della scienza, oltre che di una buona biologia. Per questo non è incompatibile che un filosofo si occupi sia di scienza che di comunicazione. I nuovi modi di comunicare la scienza passano attraverso la filosofia della scienza.

A cura di Daniele Romano

Intervista
Elena Gagliasso
La nozione di vincolo in Biologia

A conclusione di un pomeriggio di studi dedicato alla nozione di vincolo tenutosi al Centro Congressi della facoltà di Scienze della Formazione dell'Università La Sapienza di Roma, abbiamo intervistato Elena Gagliasso - Professoressa di Filosofia della Scienza alla Facoltà di Filosofia dell'Università di Roma "La Sapienza" - sulle trasformazioni epistemologicamente rilevanti della nozione di vincolo.

1. Se le chiedessi di individuare una data a cui far risalire l'introduzione della nozione di vincolo nel dibattito biologico contemporaneo, quale sceglierebbe?

Si può pensare al 1979, anno della pubblicazione di *The Spandrels of San Marco and the Panglossian Paradigm: a Critique of the Adaptationist Program* di Steven Gould e Richard Lewontin. È infatti in questo breve articolo che, attraverso la felice metafora dei pennacchi della basilica di San Marco, quali prerequisiti architettonici, successivamente utilizzati a fini iconografici, si torna, direi pericolosamente per l'evoluzionismo funzionalista, a parlare di vincoli strutturali ai processi e cambiamenti evolutivi.

2. Quale fu la portata di questo ritorno? E poi, in che senso l'idea di un vincolo ai cambiamenti evolutivi poteva essere considerata pericolosa?

Per capire quanto sia stato dirompente l'articolo di Gould e Lewontin, bisogna considerare il fatto che il paradigma di pensiero dominante proveniente dalla Nuova Sintesi considerava gli organismi come veri e propri fasci di adattamenti funzionali, atomizzabili in serie di caratteri prodotti dalla selezione naturale. L'idea di base era quella di una plasmabilità progressiva evolutiva *ad hoc*. I tre criteri che consentivano di spiegare i fenomeni evolutivi erano la selezione, l'adattamento e il gradualismo. Il primato esplicativo veniva dato soprattutto alla selezione, che, trasformata in vera e propria 'legge' darwiniana, sarebbe sufficiente -con la variazione casuale dei pool genici- a spiegare l'intero processo dell'evoluzione del mondo vivente..

Gould e Lewontin, nel loro articolo, arrivavano invece a sostenere che il cambiamento evolutivo è sì mediato dalla selezione naturale, ma una componente meno esplorata e altrettanto interessante è data dalla serie di vincoli che lungo i tempi dell'evoluzione delimitano via via le strade possibili e le modalità dei tale cambiamenti organici e dunque delle stesse possibilità di comparsa delle specie.



Quanto alla percezione di ‘pericolo’ che accompagna la comparsa della nozione di vincolo, risiede nel fatto che più che di comparsa si tratta di una ricomparsa di tematiche legate alla struttura e dunque si produce un accostamento dell’attuale attenzione alle strutture ai criteri di spiegazione del fissismo pre e anti-darwiniano: porre vincoli alla plasmabilità selettiva per molti collude con i linguaggi e a la visione del mondo antitetica all’evoluzione

3. Quali sono le nozioni di vincolo a cui i due autori fanno riferimento?

Erano stati individuati tre generi di vincoli: *vincoli filetici*, *vincoli dello sviluppo* e *vincoli architettonici*. Si tratta, in tutti e tre i casi, di vere e proprie ‘costrizioni’ (*constraints*) che vengono poste ai processi evolutivi e la loro peculiarità consiste appunto nel porre un freno, a diversi livelli esplicativi, alla pervasività e all’onnipotenza della selezione funzionale adattiva. I *vincoli filetici* sono quelli che rivelano negli organismi presenti le tracce persistenti di quelli ancestrali, o altrimenti detto, il portato della storia remota, dalla cui datità riparte ogni novità evolutiva. I *vincoli dello sviluppo*, documentano come gli stadi precoci dello sviluppo siano estremamente refrattari ai cambiamenti evolutivi. Infine, i *vincoli architettonici* sono dirette conseguenze dei materiali e delle condizioni di compatibilità statiche e dinamiche degli organismi nel loro ambiente di vita.

4. In che cosa consiste secondo lei la novità epistemica della nozione di vincolo?

Direi che risiede nella reciproca interazione dei tre livelli di cui s’è appena detto. In altri termini, nel fatto che allo stato vivente della materia, come lo definisce Marcello Buiatti, vengono poste costrizioni passive di tipo filetico, ontogenetico e architettonici-materiali, o altrimenti, che la vita può emergere solo se queste agiscono. Così come impianto di pensiero ciò consente di impostare all’interno di un unico apparato categoriale, e qui sta la vera novità, spiegazioni storiche e spiegazioni meccaniche, i giochi imprevedibili della casualità e insieme i limiti della stocasticità del caso. La novità di questo concetto influente di vincolo può essere misurata proprio confrontandolo con un sistema di pensiero unicamente processuale che mette tra parentesi l’esistenza di ciò che è invariante rispetto al flusso del divenire. Insomma ragionare anche per vincoli di struttura è un tipo di pensiero non antagonista, ma complementare.

5. Come si può descrivere, secondo lei, la nozione di vincolo dall’interno, ovvero guardando alle sue caratteristiche intrinseche?

Il vincolo non è monadico, statico o monolitico. Al contrario, esso si dà come accadere di un processo in cui parti diverse di un sistema si legano tra loro. Il risultato, alla fine, come in un nodo che si è ben stretto, è un’entità (può essere una struttura cellulare, organica, una funziona autocatalitica, una rete funzionale di geni) che può diventare solo ex post un invariante di base per altri processi evolutivi.



In questo modo, attraverso un processo, viene prodotta una soglia di non ritorno. Se si utilizza il verbo al posto del sostantivo, infatti, si rende meglio l'idea che sta dietro alla nozione di vincolo: vincolare (legare), sistema vincolato (che è stato legato bloccato nel passato). La funzione dei vincoli è proprio quella di canalizzare, nel senso di creare dei *boundaries*, al dispiegarsi potenziale dell'azione.

Per tornare alla novità epistemica allora, i vincoli sono intrinsecamente storici e, quindi, la loro spiegazione non può che essere a certi livelli anche narrativa, ma si fissano ancestralmente grazie a stati propri della meccanica delle materie molli in stati lontani dall'equilibrio e dunque la loro spiegazione è sì storica, ma anche fisico chimica della fisica delle materie visco-elastiche e della chimica della loro eccitabilità

6. Monod riteneva che la scoperta degli invarianti fosse la strategia utilizzata dalla scienza moderna per analizzare i fenomeni. Che cosa differenzia ragionare 'per vincoli', da ragionare 'per invarianti' o, detto altrimenti, esiste una connessione tra vincoli e determinismo? Mi sembrerebbe infatti che come processo mentale e teorico il 'vincolare' condivida tratti abbastanza simili al 'determinare'?

Lei sta mettendo a tema un punto nevralgico: alcuni tipi di vincoli, quelli strutturali della materia ad esempio, hanno delle caratteristiche che potrebbero essere ricondotte a forme di determinismo. Tuttavia, quello che è importante sottolineare è che anche tali vincoli sono sempre e comunque integrati con il criterio meno determinista che si conosca: la contingenza storica dell'erraticità ambientale e sono sottoposti al vaglio della selezione naturale. Si lega, insomma, fruttuosamente, un ragionamento relativo alle strutture che sono state reversibilmente vincolate per ragioni materiali (quello che lei giustamente nota come un elemento di determinismo), con un ragionamento sulle contingenze di tipo storico che le hanno ulteriormente selezionate o, addirittura, che in modo del tutto aleatorio hanno irreversibilmente spazzato via la maggior parte delle strutture che erano state vincolate secondo certi piani complessivi.

7. Se si ragiona attraverso i vincoli è possibile formulare leggi? È possibile esprimere in maniera legiforme le conoscenze che si articolano attorno ai vincoli? Se no, allora a che genere di conoscenza ci troviamo di fronte? Se sì, di che genere di leggi si tratta?

Molte domande! Che vanno proprio al cuore della filosofia della biologia contemporanea. Forse le possiamo unificare così: innanzitutto la conoscenza del mondo vivente che ragiona secondo sistemi vincolati non può venire espressa attraverso leggi di tipo prescrittivo e predittivo. Piuttosto, le spiegazioni in termini di vincolo possono venire articolate in leggi di tipo pro-scrittivo, come le chiama Marcello Cini: leggi che, separando un prima e un dopo storici, escludendo, a partire da un tempo dato, la possibilità di conformazioni e di processi al di fuori dei limiti che sono stati posti in quel preciso tempo storico



8. Quali sono a suo avviso, all'interno del panorama attuale della ricerca biologica, le discipline o gli ambiti di ricerca in cui la categoria del vincolo risulta essere uno strumento euristico ed epistemico particolarmente importante?

Mi sembra che da un lato, l'interazione tra diverse modalità del vincolare si trovi al cuore della biologia teorica e sperimentale dei sistemi integrati. Ad esempio nei lavori dei più importanti teorici dello sviluppo e genetisti evolucionisti, come Gilbert, Müller, Minelli, Jablonka e Lamb la nozione di vincolo diventa un concetto influente e fa parte delle strumentazioni della nuova biologia evolucionistica dello sviluppo (*Evo-devo theory*). I teorici dell' *Evo-devo* sostengono che i vincoli dello sviluppo non possono essere considerati separatamente dai vincoli filettici. Gli studi sullo sviluppo e quelli sull'evoluzionismo vengono così ricollegati. Oggi i vincoli funzionali e dello sviluppo integrano infatti i cicli auto-organizzativi del materiale genico e del suo cito-ambiente interno. Ma c'è di più: suggeriscono di prendere in considerazione anche una moltiplicazione delle unità di selezione, per cui interi pacchetti genici integrati sarebbero unità di selezione autonome

9. Quindi l'Evo-devo, secondo lei, costituisce il nuovo paradigma di ricerca per la biologia contemporanea?

Non la metterei in questi termini. Credo che non si possa parlare dell'emergenza di un vero e proprio nuovo paradigma. Infatti, nonostante le importanti estensioni sia al prebiotico che alla genetica dello sviluppo, sono ricerche che si situano all'interno del paradigma evolutivo. Ampliandolo. Anzi corroborandolo. La biologia evolucionistica dello sviluppo, l'Evo-Devo, procede nella direzione teorica di quell'espansione teorica e sperimentale dell'evoluzionismo intrapresa nel lavoro di Gould e Lewontin di cui si parlava prima. Con l'integrazione di livello offerta dall'epigenetica attuale si corrobora quel darwinismo esteso (o espanso) che un'importante corrente teorica contrappone al cosiddetto ultradarwinismo selezionista e adattamentista - tutt'ora peraltro in buona salute nella scuola che ruota attorno a Richard Dawkins, L'Evo-Devo, inoltre, non costituisce una falsificazione della genetica molecolare, anzi è proprio grazie a ciò che si è potuto sapere sul Dna che l'epigenetica, da ipotesi di studio negli anni '40 con Conrad Waddington, è potuta diventare un campo praticabile sperimentalmente, che s'affianca alla genetica, superando il rapporto deterministico causa-effetto che era proprio della prima genetica molecolare e invano inseguito dalla Teoria Sintetica.

Possiamo piuttosto dire questo: l'interessante a transizione in corso, con l'attenzione ai vincoli, la nuova biologia dello sviluppo, la biologia sistemica, l'Evo-Devo Theory, si presenta come una trasformazione epistemica di priorità all'interno di un paradigma più esteso e sempre più articolato: l'evoluzionismo contemporaneo.

A cura di Guido Caniglia

www.humana-mente.it

RIVISTA DI STUDI FILOSOFICI

ISSN: 1972-1293