

L'EVOLUZIONE DELLA VITA: ULTERIORI CONSIDERAZIONI SULL'ABIOGENESI

Nel precedente articolo (“L’enigma dell’abiogenesi”) abbiamo esaminato in dettaglio le difficoltà insite in uno specifico tentativo di spiegazione riduzionistica della nascita della vita dalla materia inanimata. Ricordo che ci eravamo lasciati con un’osservazione e una promessa.

L’osservazione era che, anche se si prova a fare a meno dell’apparizione imprevista e casuale del meccanismo di traduzione/replica, si finisce lo stesso per doverla richiedere; e che la probabilità di tale evento deve essere di sicuro estremamente bassa. La promessa era quella di dimostrare quest’ultima affermazione.

A parte le risposte date da studiosi più o meno invisi al darwinismo (come Luciano Benassi¹ e Robert Shapiro²), penso che la dimostrazione migliore sia quella fornita dal biologo evolutivo Eugene Koonin³. Lo scienziato riconosce, prima di tutto, che il problema dell’origine del sistema di traduzione/replica è qualitativamente diverso da ogni altro problema collegato all’evoluzione della vita. Koonin osserva che perfino nei più semplici sistemi biologici moderni (i retrovirus, o virus a RNA) il meccanismo di “copia” del codice genetico richiede l’azione di una proteina specifica formata da 300 amminoacidi. A sua volta, naturalmente, l’informazione relativa alla “fabbricazione” di questa proteina deve essere codificata da una catena di DNA o RNA. Ora, è noto che un singolo amminoacido è “memorizzato” da una serie di tre molecole appartenenti alla famiglia dei nucleotidi. Questi ultimi sono indicati, nel DNA, dai caratteri A, C, G e T: così che, per esempio, l’amminoacido chiamato “alanina” è codificato dalla tripletta CGT, quello chiamato “serina” dalla tripletta AGA, e così via. Tutte le proteine conosciute richiedono al più venti tipi di amminoacidi diversi, ragion per cui il codice utilizzato è perfino sovrabbondante. Dunque, una proteina formata da una sequenza di 300 amminoacidi viene “memorizzata” da una particolare catena di 3×300 nucleotidi – vale a dire da una successione di 900 caratteri, tipo:

“AGA-CGT-GCA-AGA-CGT-CGT-...”.

E qui Koonin mette in evidenza i due ineludibili paradossi legati al problema dell’origine. Il primo è questo: per ottenere la minima complessità necessaria affinché un sistema biologico intraprenda il cammino evolutivo, è richiesta la preesistenza di

1. BENASSI L., "Mistificazioni evolucionistiche e matematica", *Cristianità* n° 95 (1983), reperibile su internet all'indirizzo: <http://www.alleanzacattolica.org/indici/articoli/benassil95.htm>

2. SHAPIRO R., “Le origini della vita”, *Le Scienze*, n. 468 (2007).

3. KOONIN E. V., “The cosmological model of eternal inflation and the transition from chance to biological evolution in the history of life”, *Biology Direct*, vol. 2, n. 15 (2007).

un meccanismo biochimico di complessità di gran lunga maggiore – vale a dire già notevolmente evoluto.

Il secondo paradosso riguarda la possibilità che si possa pervenire al sistema di traduzione/replica mediante la selezione darwiniana, ed è questo: fino a che il complesso biochimico che effettua la traduzione dalle catene di nucleotidi (DNA o RNA) alle catene di amminoacidi (le proteine) non comincia a produrre molecole funzionali, non esiste alcun vantaggio evolutivo che ne favorisca la selezione.

Provo a dirlo più semplicemente con un paragone. Facciamo finta che la “parola” minima, necessaria affinché l’evoluzione biologica prenda il via, sia questa:

“NELMEZZODELCAMMINDINOSTRAVITAMIRITROVAIPERUNASELVAOSC
URACHÉLADIRITTAVIAERASMARRITAAHIQUANTOADIQUALERAÈCOS
ADURAESTASELVASELVAGGIAEASPRAEFORTECHENELPENSIERRINOVAL
APAURATANTÈAMARACHEPOCOÈPIÙMORTEMAPERTRATTARDELBENCH
IVITROVAIDIRÒDELALTRECOSECHIVHOSCORTEIONONSOBENRIDIRCOM
IVINTRAITANTERAPIENDISONNOAQUELPUNTO” (insomma, l’inizio del primo canto dell’Inferno; sono circa 300 caratteri).⁴ Diciamo che dobbiamo ottenere il nostro obiettivo lanciando moltissime volte un dado a 21 facce, su ognuna delle quali è impressa una lettera dell’alfabeto. Bene, Koonin sta in pratica affermando che non ci potremo ritenere soddisfatti fino a che non otterremo *esattamente* la sequenza giusta, perché qualunque differenza – anche di un solo carattere – renderebbe la frase inutilizzabile.⁵ Riuscite a immaginare quanto sia improbabile infilare *per caso* la sequenza giusta? Bene, il nostro biologo evolutivo lo ha calcolato esattamente, ed è giunto alla conclusione che sarebbe veramente *molto improbabile*, anche avendo a disposizione miliardi di dadi e miliardi di anni di lanci. Vediamo come ha fatto.

Innanzitutto Koonin ipotizza che l’Universo contenga 10^{22} stelle, e che una su dieci abbia un pianeta abitabile. Dunque, esisterebbero 10^{21} pianeti adatti a ospitare la vita. Personalmente considero questo dato fortemente sovrastimato, perché in realtà la maggior parte delle stelle non possiede affatto pianeti, men che meno abitabili. Rifacendomi alla cosiddetta “Rare Earth Hypothesis” (“Ipotesi della rarità della Terra”)⁶ direi che una stima più realistica si potrebbe aggirare intorno a un valore centomila volte più piccolo, cioè 10^{17} pianeti adatti nell’Universo. Definirò questo

4. La quantità di informazione è all’incirca pari a quella della proteina di cui si diceva prima: i tipi di amminoacidi utilizzati nella sintesi proteica sono una ventina, come le lettere dell’alfabeto latino.

5. Dico “inutilizzabile” e non “incomprensibile”, perché l’errore relativo a una sola lettera molto probabilmente non inciderà sulla comprensione della frase... da parte di un essere intelligente. Viceversa, sbagliare un amminoacido in una sequenza proteica può portare alla sua totale inutilizzabilità.

6. Vedi alle rispettive pagine di Wikipedia.

numero N_{pa} ; sarà dunque:

$$10^{17} \leq N_{pa} \leq 10^{21}.$$

Se ognuno di questi pianeti è grande all'incirca quanto la Terra e ha uno strato abitabile spesso $l = 10$ km, il volume V_{sa} di quest'ultimo sarà:

$$V_{sa} = \frac{4}{3} \pi [R^3 - (R-l)^3] \approx 5 \times 10^{24} \text{ cm}^3,$$

dove si è indicato con R il raggio del pianeta. Koonin considera che la sintesi dell'RNA avvenga nell'1% del volume dello strato abitabile; in pratica, un volume $V_{RNA} \approx 5 \times 10^{22} \text{ cm}^3$ sarebbe disponibile per le reazioni chimiche che portano alla comparsa dell'RNA. Più realisticamente, considerando che sarebbero necessarie, per tale sintesi, zone che fungano da "reattore chimico" (tipo fumarole sottomarine), io stimerei per questo volume un valore almeno cento volte inferiore. I limiti sarebbero quindi:

$$5 \times 10^{20} \text{ cm}^3 \leq V_{RNA} \leq 5 \times 10^{22} \text{ cm}^3.$$

Ora, ammettiamo che in ogni centimetro cubo di questo volume avvenga ogni secondo la sintesi di una catena di RNA formata da n nucleotidi (dove n può essere un numero qualsiasi, da 1 a quanto ci pare: 10, 100, 1000). Per comodità di riferimento, d'ora in poi chiameremo " n -mero" una catena di RNA lunga n nucleotidi.⁷ Koonin sta dunque dicendo che il tasso di sintesi di un n -mero, R_n , è di 1 molecola/cm³/secondo. È chiaro che anche questa è una sovrastima: è facile comprendere che, più lunga è la sequenza, più tempo ci vuole a metterla insieme. Per tenere conto di questo fatto, anche solo in prima approssimazione, basterà dividere il tasso per il numero che rappresenta la lunghezza della catena, cioè n . Poniamo dunque:

$$\frac{1}{n} \text{ molecole/cm}^3/\text{secondo} \leq R_n \leq 1 \text{ molecola/cm}^3/\text{secondo}.$$

Non rimane, adesso, che considerare il fattore tempo. Per questo prendiamoci pure tutto il tempo del mondo, vale a dire all'incirca quello trascorso dal Big Bang:

$$T = 10^{10} \text{ anni} \approx 3 \times 10^{17} \text{ secondi}.$$

Siamo arrivati in fondo al calcolo. Per contare il numero S di catene "provate" mediante il mescolamento casuale in tutti i "brodi primordiali" possibilmente esistiti fin dalla nascita dell'Universo, basterà infatti moltiplicare tutti i parametri trovati:

7. Il termine n -mero viene usato in analogia con la parola "polimero", che indica una grande molecola costituita da una fila di molecole più piccole (di un numero finito di tipi).

$$S = N_{pa} \times V_{RNA} \times R_n \times T.$$

Tenendo conto dei valori massimi e minimi stimati, abbiamo il seguente intervallo di variazione permesso per S :

$$\frac{1,5}{n} \times 10^{54} \leq S \leq 1,5 \times 10^{61}.$$

In un certo senso, S rappresenta la quantità di “risorse probabilistiche” disponibili al mescolamento casuale: maggiore è questo numero, più probabile è che l’obiettivo previsto venga raggiunto per puro caso. Assumiamo ora che basti “azzeccare” un singolo n -mero per avviare il meccanismo dell’evoluzione biologica. Avendo a disposizione quattro tipi di nucleotidi, le possibili catene differenti sono:

$$N = 4^n \approx 10^{0,6n}.$$

Statisticamente, allora, si può prevedere che il numero di volte E che emerge *per caso* un n -mero fissato è dell’ordine di:

$$E = \frac{\text{numero di tentativi}}{\text{possibilità totali}} = \frac{S}{N}.$$

A questo punto Koonin fa il seguente ragionamento. Dato che su almeno un pianeta il “lancio del dado” ha effettivamente avuto successo, poniamo $E = 1$ e calcoliamo quanto doveva essere lungo l’ n -mero auto-replicante che casualmente ha dato origine alla vita. Insomma, cerchiamo il valore di n per cui risulta $S = N$. Torna, vero? È come dire: per avere una ragionevole speranza di uscita della faccia con il “3”, devo lanciare un comune dado a sei facce almeno sei volte; così, per riuscire a vedere la lettera “Q” su un dado alfabetico a ventuno facce, dovrò lanciarlo almeno ventuno volte; e via dicendo.

Ebbene, Koonin (che usa sempre i limiti superiori degli intervalli di stima per i vari parametri) trova $n \approx 102$. Considerando invece i limiti inferiori, si troverebbe $n \approx 87$. In altre parole: è abbastanza probabile che, grazie al mescolamento casuale, si riesca a infilare una catena di RNA “giusta”, lunga da 87 a 102 nucleotidi. È come dire (per tornare al paragone con la Divina Commedia) che sarebbe relativamente facile – avendo a disposizione miliardi di anni e miliardi di pianeti, però – concatenare una “parola” giusta, lunga 34 caratteri:

“NELMEZZODELCAMMINDINOSTRAVITAMIRIT”.⁸

Già, ma siamo sicuri che un 102-mero sarebbe sufficiente a codificare una molecola organica funzionante? In caso contrario, quale sarebbe la minima lunghezza

8. Ricordo che la quantità di informazione di questa “parola” corrisponderebbe appunto a quella di una catena di tre volte tanti nucleotidi (in questo caso, dunque, a un 102-mero).

richiesta? E con quale probabilità sarebbe possibile infilare la sequenza corrispondente?

Procediamo con ordine. Le proteine “moderne” si presentano di solito come aggregati di unità più o meno standard, detti “domini”.⁹ Il più piccolo di questi è formato da 36 amminoacidi, ed è dunque codificato da una sequenza di $36 \times 3 = 108$ nucleotidi: vale a dire, nella notazione di Koonin, da un 108-mero. Se calcoliamo il valore di E , relativo alla comparsa casuale del 108-mero giusto, troviamo stavolta un numero oscillante tra 10^{-12} e 10^{-3} : vale a dire, occorrerebbero da *mille a mille miliardi* di volte più risorse probabilistiche S (più pianeti adatti e/o più tempo a disposizione, per intendersi) per avere una ragionevole speranza di assistere alla comparsa casuale di questa molecola! E si badi che il dato più favorevole si collega alla situazione più irrealistica, con il valore di S volutamente sovrastimato dallo stesso autore.

Ora, secondo Koonin il minimo sistema accoppiato di traduzione/replica dovrebbe essere costituito da:

- ♣ due segmenti di RNA della lunghezza di almeno 1000 nucleotidi;
- ♣ una decina di adattatori primitivi di 30 nucleotidi ciascuno, per un totale di circa 300 nucleotidi;
- ♣ almeno un RNA codificante una molecola che governa la replicazione, con circa 500 nucleotidi (limite inferiore).

In definitiva, il minimo n -mero richiesto dovrebbe essere formato da almeno 1800 nucleotidi. Il valore di E corrispondente è impressionante: 10^{-1018} nell'ipotesi ottimistica! In pratica, sarebbe richiesta una quantità di risorse probabilistiche ben 10^{1018} volte maggiore rispetto al valore più ottimistico stimato per S , perché tale sistema possa emergere per caso (faccio notare che solo per leggere questo numero dobbiamo ripetere 113 volte la parola “miliardi”). Avendo a disposizione un solo Universo, non avrei difficoltà a definire questa eventualità decisamente *impossibile*.¹⁰ Come ho avuto modo di discutere in “Evoluzionismo e cosmologia”, quest'ultima osservazione porta Koonin a sostenere l'idea che esistano in realtà *infiniti* universi (il cosiddetto *multiverso*),¹¹ nel tentativo di recuperare l'enorme quantità di risorse probabilistiche necessarie.

D'altra parte, quali alternative rimangono in mano a uno scienziato (ultradarwinista o

9. Vedi alle voci “Proteina” e “Dominio (biochimica)” di Wikipedia. Notiamo che i domini proteici non hanno, *di per sé*, alcuna funzionalità biochimica.

10. Volendo togliersi la curiosità, il calcolo relativo al 900-mero da cui eravamo partiti (le prime 300 lettere dell'Inferno di Dante) porta a stimare E intorno a 10^{-500} .

11. Questo tema è ampiamente discusso in molti articoli dell'UCCR.

meno) che non voglia accettare il *multiverso*? Non molte, credo. Forse rimane solo una possibilità: che l'avvio dell'evoluzione biologica dipenda da un qualche meccanismo molecolare molto semplice – perfino più semplice del minimo dominio proteico – tanto da poter comparire facilmente, per puro caso, in un sistema termodinamicamente stabile come il “brodo primordiale”. Per intendersi, si dovrebbe trattare – indicativamente – di un n -mero con $n < 80$. Ci sono da dire però un paio di cose su questo ipotetico meccanismo molecolare:

1. non può appartenere alle categorie biomolecolari note: sappiamo che per le proteine n è maggiore o uguale a 108;
2. deve pur sempre agire come una macchina, cioè deve essere in grado di svolgere una funzione anti-entropica;
3. dopo aver avviato lo stadio dell'evoluzione biologica, si deve essere ben nascosto – perché oggi non ve n'è alcuna traccia.

A ben vedere, queste osservazioni descrivono un oggetto ancora ideale ma perfettamente riconoscibile: un *nano-robot* molecolare. Bene, non credo che valga davvero la pena di considerare come scientifica un'ipotesi del genere, visto che semplicemente sposta il problema dell'origine della vita al livello di un mito tecnologico, attualmente inesistente (perfino dal punto di vista teorico).

E dunque? Credo che quello dell'abiogenesi rimanga ancora – nonostante i proclami – un enigma impervio ai tentativi di spiegazione riduzionistici finora messi in campo.