

Un modello basato sulle risonanze per l'evoluzione biologica

Achille Damasco^{a*}, Alessandro Giuliani^b

^a Università di Napoli Federico II, Dipartimento di Fisica, Strada Vicinale Cupa Cintia 21, 80126, Napoli, Italia

^b Istituto Superiore della Sanità, Dipartimento di Ambiente e Salute, Viale Regina Elena 299, 00161, Roma, Italia

*achille.91@live.it

HIGHLIGHTS

- Viene proposto un modello per l'evoluzione basato sugli oscillatori armonici forzati.
- La macroevoluzione è descritta come un fenomeno di risonanza.
- Viene presentata un'ipotesi per la cosiddetta Esplosione del Cambriano.
- Il modello fornisce anche una spiegazione per i periodi di stasi evolutiva.

ABSTRACTS

Proponiamo un modello fisico a grana grossa per l'evoluzione. Il modello presentato "almeno in linea di principio" è suscettibile ad una verifica sperimentale anche se questo può sembrare un gioco di parole: l'evoluzione è un processo storico unico e il nastro non può essere riavvolto e riprodotto di nuovo. Nonostante ciò, possiamo immaginare uno scenario fenomenologico cucito sulle transizioni di fase della fisica-chimica in cui differenti agenti dell'evoluzione giocano il ruolo degli elementi di una transizione di stato, come il rumore termico o gli effetti di risonanza. Il modello astratto che proponiamo può aiutare nel tracciare ipotesi e nel risolvere alcune ben note questioni della storia naturale come la cosiddetta esplosione del Cambriano. Viene discussa anche la possibilità di una prova sperimentale del modello.

1. Introduzione

Secondo la teoria affermatasi, le mutazioni genetiche casuali e la selezione naturale sono i fenomeni che agiscono da motore principale dell'evoluzione delle specie.

Le mutazioni genetiche casuali sono modificazioni lungo la sequenza del DNA, principalmente a causa di errori di duplicazione, così che "casuale" significa che esse sono il prodotto di cause individuali che ignoriamo e su cui non possiamo avere controllo e che, cosa ancora più importante, sono scorrelate dalla fitness dell'organismo.

In aggiunta a questi due fattori (classici), i fenomeni epigenetici stanno rapidamente guadagnando attenzione. Possiamo definire rozzamente i cambiamenti epigenetici come variazioni del fenotipo di un organismo a causa di modificazioni dello schema di espressione genetica senza modificazioni delle sequenze di DNA.

Le mutazioni casuali, la selezione naturale e i cambiamenti epigenetici sono stati presi in considerazione per generare la struttura teorica per la fenomenologia a "salti e stasi" suggerita dalle testimonianze fossili.

Le testimonianze fossili mostrano un andamento fortemente non-lineare dell'evoluzione, fatto di lunghi periodi di stasi interrotti da apparizioni relativamente rapide di molte specie. La teoria di Gould e Eldredge degli "Equilibri Punteggiati" interpreta l'alternarsi tra "salti" e "stasi"

mantenendo l'idea che l'evoluzione sia caratterizzata dall'effetto combinato di mutazioni casuali e selezione naturale, sebbene in certe situazioni la sua velocità possa essere molto bassa.

Oggi, la scoperta dell'assenza di un comportamento biunivoco nella relazione genotipo-fenotipo, e la travolgente complessità combinatoria delle interazioni molecolari (Tompa e Rose nel loro paper danno una stima grossolana di 10^{7200} vincoli da interazioni molecolari da soddisfare in un sistema relativamente semplice come un lievito) spingono a provare ad affrontare la non-linearità dell'evoluzione con una nuova prospettiva.

Qui proviamo a tracciare una trama plausibile dell'evoluzione costruendola su tre pilastri fondamentali dell'evoluzione: la natura stocastica delle mutazioni del DNA, i cambiamenti epigenetici e la pressione selettiva. Il nostro obiettivo è di inserire questi tre pilastri nello schema della fisica teorica degli oscillatori armonici forzati. Non proponiamo una "teoria matematica definitiva dell'evoluzione" ma speriamo che questo esercizio possa essere utile per generare ipotesi.

Ci basiamo sul carattere universale delle transizioni di stato mostrando alcune caratteristiche largamente costanti tra diversi campi di applicazione come la differenziazione cellulare, la finanza e la fisica-chimica. L'esercizio di inserire l'evoluzione nel quadro generale delle transizioni di stato ci permette di inquadrare sia gli effetti stocastici sia quelli direzionali e di generare alcune implicazioni per l'evoluzione biologica.

2. Modello evolutivo

L'attore principale del modello proposto è una specie biologica definita come un vettore in uno spazio N -dimensionale, dove N è il numero di caratteri che descrive la specie. Associamo ad ognuno degli N caratteri un asse che rappresenta tutte le possibili espressioni (non solo quelle realmente osservate) di quel carattere. Chiamiamo X la coordinata di una specie su uno di questi assi. Una data X corrisponderà al valore preso per uno (degli N dello spazio così definito) caratteri di una specie la quale, a sua volta, sarà un punto associato ad un'unica configurazione nello spazio N -dimensionale. Così, il valore di X corrisponderà ad un certo fenotipo. Ogni specie contiene molti individui, così intendiamo una data X di una data specie come il fenotipo "medio".

Vale la pena concentrarsi sulla natura astratta del nostro modello, quindi, per il momento, diamo per scontata la reciproca indipendenza delle variabili che attraversano tale spazio.

Lo spazio fenotipico N -dimensionale deve essere inteso come il codominio di un dominio Z rappresentato dal genotipo. I punti-vettore di questo spazio corrispondono quindi a singoli individui che appartengono alla specie.

Siccome ogni organismo vivente per definizione si nutre, cresce e si riproduce, la configurazione di un particolare carattere che meglio assicura una specie nel suo habitat nel realizzare tali funzioni sarà rappresentato da un punto X che chiameremo X_0 , cioè X_0 è il punto a massima fitness.

Se aggiungiamo un'altra dimensione che indica la frequenza allelica f di un certo insieme di caratteri, ossia il numero di volte in cui esso compare in una popolazione diviso il numero di individui di quella popolazione, allora possiamo costruire una distribuzione di frequenze alleliche. Tale frequenza allelica seguirà una gaussiana; cioè, se consideriamo lo spazio N -dimensionale dei caratteri come il dominio di f (la quale è una funzione di N variabili, cioè $f = f(X_1, X_2, \dots, X_N)$) ci aspettiamo che la cima della distribuzione (il massimo di f) corrisponda ad un particolare punto dello spazio N -dimensionale. Nel caso in cui si consideri un solo carattere, quel punto è X_0 . Questo corrisponde a dire che la "configurazione ottimale" tende ad essere quella più frequente.

Nel seguito, introdurremo le ipotesi alla base del modello teorico proposto.

2.1 Prima ipotesi: oscillatore armonico

Ora assumiamo, per un carattere, che l'effetto tipico delle mutazioni casuali e della selezione naturale sia un'oscillazione dell'effettivo punto X corrispondente al picco di frequenza allelica, così che il punto in generale non sarà in X_0 ma in una coordinata che chiameremo X_{MAX} . X_{MAX} quindi oscillerà attorno a X_0 con un moto armonico dato da

$$X(t) = A_0 \cos(\omega_0 t) \quad (1)$$

In (1), $X(t)$ è la coordinata X_{MAX} al tempo t , A_0 è l'ampiezza di oscillazione e ω_0 è la frequenza dell'oscillazione (cioè la frequenza per un fattore costante pari a 2π , ma in seguito chiameremo la frequenza ω). Tale ω_0 è data da

$$\omega_0 = \frac{2\pi}{T_0} \quad (2)$$

con T_0 il periodo di oscillazione di X_{MAX} . A sua volta

$$T_0 = \frac{m}{\lambda}$$

dove m è un intero positivo che rappresenta il numero di mutazioni che risultano in un'oscillazione di X_{MAX} mentre λ è il tasso di mutazioni, che è definito da

$$\lambda = \frac{1}{n\tau}$$

dove n è un intero positivo che indica quante generazioni occorrono in media per osservare una mutazione ereditaria e τ è l'intervallo di tempo medio per una data specie tra una generazione e l'altra (nel caso di organismi asessuati, tra una divisione cellulare e l'altra). Combinando tutte le equazioni precedenti otteniamo l'espressione per ω_0 :

$$\omega_0 = \frac{2\pi}{mn\tau} \quad (3)$$

I parametri n , m , e τ potrebbero, almeno ipoteticamente, essere derivati sperimentalmente. Il moto di X_{MAX} può essere paragonato a quello di una massa soggetta ad una forza di richiamo, dove tale forza corrisponde alla selezione naturale (ricordiamo che abbiamo posto l'ipotesi di una specie centrata presso un massimo della fitness). Le mutazioni casuali causano il dislocamento da X_0 : un grande spostamento dalla configurazione di massima fitness corrisponderà ad un grande effetto della selezione naturale e viceversa.

2.2 Seconda ipotesi: fattori ambientali

Aggiungiamo un'altra ipotesi al nostro modello. Consideriamo un ecosistema come una struttura descrivibile da un insieme di parametri quantificabili, cose come la temperatura media di un dato habitat, l'umidità, la concentrazione di un dato gas nell'aria o nell'acqua, la densità di individui di una specie diversa da quella presa in considerazione, e così via.

Sia P uno dei parametri citati. Postuliamo che, se un ecosistema sta in una situazione di equilibrio, P avrà un certo valore medio (nel tempo). Se l'ambiente passa ad un nuovo stato di equilibrio caratterizzato da un diverso valore di P , allora, durante la fase transiente, il valore di P oscillerà tra il valore iniziale e quello finale con una frequenza ω_E . Il pedice "E" sta per "esterna" perché P descrive l'ecosistema della nostra popolazione, non la popolazione stessa.

Assumiamo inoltre che tale ω_E (il cui valore in linea di principio può essere stimato sperimentalmente) sarà tanto più alta quanto più piccolo sarà l'intervallo di tempo necessario alla transizione di stato dell'ambiente.

2.3 Terza ipotesi: risonanza

Per modellizzare gli andamenti discontinui dell'evoluzione, abbiamo bisogno di aggiungere una terza e ultima assunzione chiave nel nostro modello. Selezioniamo dall'intero insieme di parametri P che descrivono l'ambiente, un sotto-insieme di parametri (la cui esistenza dipende dalla specie in questione e deve essere determinata sperimentalmente) capaci di esercitare effetti epigenetici ereditabili su una parte della popolazione. In altre parole, assumiamo che esista la possibilità che un fattore "esterno" contribuisca a causare il dislocamento di X_{MAX} , ma in questo caso, la dipendenza temporale di tale dislocamento sarà data dal parametro esterno (che non sarà necessariamente armonico).

Possiamo ora affermare la terza ipotesi: se uno dei parametri capaci di cambiamenti epigenetici sta oscillando con una frequenza ω_E perché è in una fase transiente, allora la nostra specie evolverà (almeno per quanto riguarda il carattere considerato) se la seguente uguaglianza è soddisfatta

$$\omega_0 = \omega_E \quad (4)$$

Questa relazione, chiamata Condizione di Evoluzione (CE), è derivata dalle proprietà degli oscillatori armonici forzati. Ricordando la nostra analogia fisica, durante un effetto epigenetico transiente, la forza esterna caratterizzata dalla frequenza armonica ω_E causerà un moto risultante di X_{MAX} descritto dalla legge

$$X(t) = \frac{a_E \cos(\omega_E t)}{\omega_0^2 - \omega_E^2} = A_R \cos(\omega_E t) \quad (5)$$

dove definiamo

$$A_R = \frac{a_E}{\omega_0^2 - \omega_E^2}$$

in cui a_E è una costante uguale all'ampiezza di oscillazione che si avrebbe se la "forza esterna" fosse costante nel tempo. Si noti che l'argomento del coseno è ω_E perché vale la proprietà degli oscillatori armonici forzati per cui ω_0 tende a ω_E se inizialmente $\omega_0 \neq \omega_E$ (con conseguenza che verranno discusse in seguito).

Da queste due relazioni vediamo che nel limite in cui ω_E tende a ω_0 , A_R diverge, cioè il punto X_{MAX} esplora regioni (almeno in teoria) indefinitamente lontane dal suo originale bacino di attrazione. Durante questo moto il sistema attraversa un paesaggio di fitness ruvido, visitando potenzialmente nuovi punti di massima fitness. Questo comportamento può essere considerato come una risonanza che, nel nostro caso, descrive la transizione da una specie ad un'altra. In altre parole, questo può essere interpretato come un meccanismo per i cambiamenti macro-evolutivi.

Possiamo descrivere anche il caso dell'evoluzione con biforcazione in due specie, perché in quel caso la sola differenza è che abbiamo più di un punto di equilibrio rappresentante la nuova forma evolutiva; cioè, si va attraverso l'evoluzione dal punto X_0 ai punti $X_{0,A}$ e $X_{0,B}$.

Nel caso realistico in cui la CE non è soddisfatta perfettamente ma solo in buona approssimazione, A_R è uno "spazio" la cui metà verrà attraversata in un tempo che chiameremo TE (Tempo di Evoluzione). Possiamo fare una stima di TE

$$TE \leq \frac{\pi}{\omega_0} = \frac{m\pi\tau}{2}$$

2.4 Corollari

Sfruttando altre proprietà degli oscillatori armonici forzati, possiamo aggiungere tre corollari al nostro modello evolutivo.

1. Se $\omega_E \gg \omega_0$ allora A_R tende a zero. La conseguenza biologica di questo corollario è che in caso di cambiamenti bruschi nell'ecosistema, molto maggiori dell'adattabilità della popolazione, la specie potrebbe estinguersi perché perde la sua abilità nell'oscillare nei pressi della configurazione a massima fitness.
2. Se $\omega_0 \gg \omega_E$ allora A_R tende a a_E/ω_E . In questo caso la controparte biologica è la situazione in cui i cambiamenti esterni sono lenti rispetto a quelli della popolazione ma non c'è evoluzione (e nemmeno estinzione), semplicemente l'ampiezza di oscillazione dei caratteri cambia solo di un fattore costante.
3. Se $\omega_0 \neq \omega_E$ ma non è né il caso della risonanza né uno dei due casi limite precedenti, succede che ω_0 tende a coincidere con ω_E . I fenomeni biologici consistenti con questo corollario sono tutti quei numerosi casi in cui una specie vivente si adatta ad un parametro esterno oscillante assumendo immediatamente lo stesso tasso di cambiamento. I ritmi circadiani sono gli esempi di gran lunga più diffusi di questa situazione.

I successivi due corollari descrivono situazioni più complesse rispetto ai concetti molto rozzi e semplicistici esposti nelle ipotesi costitutive del nostro modello.

4. Se i cambiamenti dell'ecosistema non sono armonici ma solo periodici con periodo T , allora usiamo come ω_E l'armonica principale ed eventualmente le prime successive di uno sviluppo in serie di Fourier dei cambiamenti dell'ecosistema:

$$f(t) = a_0 + \sum_{M=1}^{\infty} \left(a_M \cos \frac{M\pi t}{T} + b_M \sin \frac{M\pi t}{T} \right)$$

dove $f(t)$ è la funzione che esprime i cambiamenti nel tempo dei parametri P .

Nel caso fosse possibile applicare una funzione analitica (almeno in prima approssimazione), i coefficienti a_0 , a_M e b_M stimano il peso relativo dei termini dello sviluppo e, per ogni M , $(M\pi/T)$ sono le armoniche dello sviluppo.

Sebbene la somma vada da 1 all'infinito, solo un numero finito di termini sarà biologicamente influente perché i termini successivi pesano sempre meno di quelli precedenti, e ordini più grandi corrispondono a variazioni a cui la specie è praticamente insensibile. Questo è un vantaggio nel caso fosse impossibile modellizzare i cambiamenti nell'ecosistema con una funzione analitica e di conseguenza non avessimo la possibilità di calcolare i coefficienti dell'espansione.

Se applichiamo il quarto corollario alla CE otteniamo una forma equivalente, infatti da

$$\omega_0 = \omega_E$$

sostituendo le espressioni delle frequenze otteniamo

$$\frac{2\pi}{mn\tau} = \frac{M\pi}{T}$$

esplicitando M otteniamo

$$M = \frac{2\lambda T}{m}$$

questa relazione è equivalente ma riguarda i casi in cui le variazioni esterne sono periodiche ma non strettamente armoniche e postula che l'evoluzione avviene se il prodotto delle costanti che appaiono al secondo membro è uguale ad un intero piccolo.

L'ultimo corollario che proponiamo non rappresenta una relazione completa ma solo una indicativa della forma matematica che avrà un elemento significativo del nostro modello, la probabilità di evoluzione:

5. Se il caso ideale $\omega_0 = \omega_E$ non è realizzato, l'evoluzione avverrà con una probabilità data approssimativamente da

$$\mathcal{P} = \sum_{i=1}^{\mathcal{N}} \sum_{n=1}^{\mathcal{M}} A(\omega_{n,i}) / A_{TOT,i}$$

dove \mathcal{N} è il numero di caratteri modificati epigeneticamente dai parametri dell'ecosistema, \mathcal{M} è il numero di armoniche che possono approssimare l'andamento dell'ecosistema entro la sensibilità della specie, $A_{TOT,i}$ è l'ampiezza dell'intero spazio di variazione dell' i -esimo carattere,

$$A(\omega_{n,i}) = \frac{a_E}{\omega_i^2 - \omega_{n,i}^2}$$

dove a_E è di nuovo l'ampiezza se la "forza esterna" è costante, ω_i è la frequenza con cui oscilla l' X_{MAX} dell' i -esimo carattere e $\omega_{n,i}$ è l' n -esima armonica che è approssimativamente uguale a ω_i .

Abbiamo bisogno di dare ulteriori dettagli a proposito della quantità \mathcal{N} : tra i caratteri modificabili per mezzo di fattori esterni non devono essere contati quelli che appaiono solo grazie a questi fattori (cioè quelli che incrementerebbero i gradi di libertà dello spazio dei caratteri) e nemmeno quelli che scompaiono. Nel primo caso l' ω_0 per quel carattere non può essere definito, così che non si può produrre risonanza, nel secondo caso l'impossibilità della CE è ovvia.

Ovviamente, se uno degli addendi nella doppia sommatoria è più grande di 1, allora dobbiamo considerare $\mathcal{P} = 1$, in particolare se $\omega_i = \omega_{n,i}$ per almeno uno degli indici i , torniamo al caso della risonanza perfetta.

In sintesi, se non c'è la perfetta uguaglianza nella CE, la probabilità di evoluzione è tanto più grande quanto più

- (1) $\omega_{n,i} \rightarrow \omega_i$ (cioè quanto più si è vicini alla risonanza)
- (2) \mathcal{N} è grande (cioè quanto più la specie è complessa e sensibile all'ambiente)

(3) \mathcal{M} è grande (cioè se l'alterazione dell'ecosistema è periodica ma non armonica, l'evoluzione è facilitata).

Fin qui, abbiamo considerato i caratteri della popolazione come indipendenti l'uno dall'altro, ma questa ipotesi è lontana dall'essere realistica. In generale, dato un carattere $x(t)$ che oscilla con moto armonico intorno al suo valore più frequente, esisterà almeno un altro carattere $y(t)$ tale che $y(t, x(t))$. Questo secondo carattere avrà anche la sua peculiare oscillazione nel tempo ma anche una certa dipendenza dai cambiamenti di $x(t)$.

Al fine di realizzare la CE, i modi in cui i caratteri interagiscono mutualmente possono essere divisi in due classi: quelli che implicano una risonanza per entrambi quando è realizzata per uno e quelli in cui tale risonanza non avviene.

Matematicamente, il primo caso si esprime dicendo che

$$\lim_{x \rightarrow \infty} y = \pm \infty \quad (6)$$

Per esempio, la (6) è certamente soddisfatta nel caso $y(t) = A'_0 x(t) \cos(\omega'_0 t)$, cioè, il carattere y oscilla con la sua propria frequenza ω'_0 ma la sua ampiezza è proporzionale a $x(t)$.

Tutto ciò implica una modifica della formula che fornisce la stima indicativa della probabilità di cambiare, così che diventa

$$\mathcal{P} = \sum_{i=1}^N \sum_{n=1}^M \gamma_i A(\omega_{n,i}) / A_{TOT,i}$$

dove

$$\gamma_i = \begin{cases} \sum_{l=1}^Q \frac{A_{l,i}}{A_{TOT,l,i}} & \text{se } Q \neq 0 \\ 1 & \text{se } Q = 0 \end{cases}$$

dove Q è il numero di caratteri che dipendono dal carattere i -esimo e che hanno una dipendenza da esso che soddisfa la (6) (essi sono indicizzati da l), $A_{l,i}$ è l'ampiezza di oscillazione del carattere l -esimo e $A_{TOT,l,i}$ è l'ampiezza dell'intero spazio di variazione del carattere l -esimo.

Se consideriamo che ogni grandezza positiva (nel nostro caso le ampiezze di oscillazione) quando moltiplicata per un numero compreso tra 0 e 1 (nel nostro caso γ_i quando $Q \neq 0$) diventa più piccola (cioè, tende a zero), allora il nostro modello implica che una specie con caratteri che stanno tutti oscillando, e per la maggior parte legati tra loro, ha una probabilità virtualmente nulla di evoluzione in risposta a fattori esterni che non sono prossimi alla CE e, almeno in teoria, una probabilità di evoluzione che tende rapidamente a 1 per $\omega_E \rightarrow \omega_0$.

Questa situazione appena descritta è compatibile con tutti quei casi in cui una specie si adatta ad una variazione di uno o più fattori esterni ricorrendo a variazioni già disponibili nel suo pool genetico senza quindi doversi evolvere in "altro". Allo stesso tempo essa include la probabile caratteristica dell'evoluzione di manifestarsi solamente in presenza di fattori esterni fortemente calibrati sulla CE.

In sintesi, aggiungendo i contributi di tutti i caratteri modificati da un dato fattore epigenetico e le interazioni tra i caratteri, il meccanismo basato sulle risonanze diventa, per l'intera specie, simile ad una transizione di fase (cioè, esso ha un comportamento non-lineare e a soglia). Inoltre, il nostro modello può essere generalizzato se invece di un fattore epigenetico viene considerato un

altro tipo di variazione, che comunque giochi lo stesso ruolo della “forzante oscillante” dotata di ereditabilità anche se solo per poche generazioni.

3. Fenomeni evolutivi speciali alla luce del modello proposto.

Possiamo guardare alcuni episodi della storia della vita sulla Terra così da reinterpretarli nel linguaggio del nostro modello evolutivo. Questo è, secondo noi, un utile esercizio per verificare la plausibilità del modello proposto.

3.1 Stasi del pre-Cambriano

Iniziamo dalla lunga stasi evolutiva che i fossili registrano in un intervallo di tempo da circa 2 miliardi di anni fa (l'apparizione degli organismi eucarioti) a circa 500 milioni di anni fa (primo Cambriano). In questo intervallo di tempo l'evoluzione, se la quantifichiamo dal numero di specie apparse da un momento iniziale fino ad un tempo arbitrario, appare come se fosse in modalità di stand-by per un miliardo e mezzo di anni, che rappresenta una porzione maggioritaria dell'intera storia evolutiva.

Questa stagnazione può essere spiegata alla luce della formula (3) e del secondo corollario: siccome gli organismi unicellulari hanno un ciclo vitale molto breve (τ molto piccolo), allora la loro ω_0 sarà molto alta. Questa è la situazione descritta dal secondo corollario, cioè, non abbiamo né evoluzione né estinzione. Con una ω_0 così alta, è altamente improbabile che possano avvenire cambiamenti ambientali tali da assicurare la risonanza, per cui la stasi ha caratterizzato questo lungo intervallo di tempo.

3.2 Esplosione del Cambriano

Il fenomeno opposto avvenne all'inizio del Cambriano ed è stato definito “Esplosione del Cambriano”. Esso consiste nell'apparizione in un tempo geologico relativamente breve della maggior parte dei phyla degli animali complessi e la diversità delle specie viventi iniziò ad essere simile a quella attuale.

Nel quadro della nostra proposta, possiamo spiegare l'esplosione come una combinazione di due fattori: il primo fu la successione relativamente rapida di cambiamenti climatici e geologici rilevanti che hanno spinto verso la realizzazione della CE. Il secondo fattore fu una situazione in cui le specie esistenti prima dell'esplosione erano molto simili tra loro (cioè esse avevano tutte ω_0 simile) così da rendere possibile un'“evoluzione di massa” che, osservando l'espressione di TE (tempo di evoluzione) fu in questo caso molto rapida.

3.3 Unicità quantitativa dell'esplosione del Cambriano

Per completare il discorso sull'esplosione del Cambriano notiamo che altre “esplosioni” sono avvenute in tempi successivi, ma queste non sono state della stessa portata di quella Cambriana. Questa peculiarità potrebbe essere spiegata dal fatto che in seguito alla differenziazione degli organismi, ogni specie ha avuto un diverso ω_0 per cui, a parità di cambiamenti ambientali, non è esistito più il fattore della somiglianza reciproca della frequenza di oscillazione dei caratteri.

3.4 Il Mesozoico

Un'ulteriore interessante applicazione del nostro modello è l'analisi del periodo Mesozoico, da circa 251,0 a circa 65,5 milioni di anni fa che è noto come l'"Era dei Dinosauri". Il Mesozoico fu caratterizzato dal dominio dei rettili, specialmente molte specie di dinosauri, mentre specie di mammiferi simili agli attuali topi e i primi piccoli uccelli fecero la loro prima apparizione. Come sappiamo, la situazione si capovoltò con la famosa estinzione dei dinosauri (e di molte altre specie del tempo). Vediamo come descrivere questi eventi con il Modello delle Risonanze.

Durante questo periodo il clima era molto stabile, così, nel nostro linguaggio, c'era una piccola ω_E che facilmente risuonava con la bassa ω_0 dei dinosauri e di tutti gli altri animali a vita lunga (maggiore dei primi topi e dei primi uccelli). In seguito ad eventi catastrofici (cioè l'ipotizzata caduta di un grande meteorite), e per drammatici cambiamenti climatici ci fu un $\omega_E \gg \omega_0$ dei dinosauri (e quindi, per il primo corollario, ci fu estinzione), mentre $\omega_E \approx \omega_0$ degli altri animali (che si evolsero). Notiamo infine che durante il primo Mesozoico i mammiferi e gli uccelli non dominarono ma erano comunque presenti perché essi soddisfacevano il secondo corollario ($\omega_E \ll \omega_0$, cioè né estinzione né evoluzione).

4. Conclusioni

Non possiamo negare che al fine di realizzare una verifica sperimentale del quadro fisico proposto, dobbiamo affrontare il completamento del modello teorico e la realizzazione pratica di un esperimento che lo testi.

Il primo problema è, data una certa specie vivente, l'identificazione di un sotto-insieme dei parametri dell'ecosistema P che abbia un effetto epigenetico ereditabile sulla specie presa in considerazione. Tale identificazione non è facile perché mentre le caratteristiche epigenetiche microscopiche stanno iniziando ad essere delucidate, l'ereditabilità dei cambiamenti epigenetici è ancora un campo largamente oscuro.

Il secondo problema riguarda la difficoltà nello stimare l'effettivo valore del tasso di mutazioni e di m (note solo per specifiche condizioni di laboratorio), e la realizzazione di un dispositivo e/o di una procedura che ci permetta di variare i parametri sopramenzionati P in modo da forzarli in un comportamento periodico che soddisfi la CE. Questo comportamento oscillatorio non dovrebbe essere solo controllato ma anche finemente calibrato. È ben noto che gli organismi viventi hanno una grande abilità ad adattarsi a "forzanti esterne" rendendo molto difficile imporre una "forza periodica" esterna ad una popolazione da evolvere. Nel linguaggio del nostro modello, è come dire che è molto facile cadere nel terzo corollario ma è difficile ottenere la risonanza.

In sintesi, una verifica sperimentale può essere operata solo su un sistema molto semplice sotto circostanze altamente artificiali.

Stimolati dagli aspetti esplicativi che il nostro modello sembra mostrare, speriamo che possiamo mandare avanti il suo sviluppo risolvendo i due problemi appena citati. In ogni caso siamo convinti che, anche su un piano puramente metaforico, la definizione di un modello generale fisicamente motivato potrebbe essere di ispirazione per i biologi evuzionisti per cercare osservabili potenzialmente interessanti.