

## Capitolo Quinto

### I Sistemi “Viventi”

**Sommario.** Questo capitolo è finalizzato ad esaminare se il Principio di Massima Ordinalità, così come formulato al cap. 2, e finora adottato per descrivere i soli Sistemi “non-viventi”, possa essere ugualmente adottato, con identica formulazione, anche per i Sistemi “Viventi”.

In questo contesto, a titolo di Esempio Ostensivo particolarmente significativo, ci limiteremo a considerare i Composti Biologici e, fra questi, dedicheremo una particolare attenzione alle Proteine, cioè a quelle strutture organiche altamente organizzate che rappresentano il fondamento costitutivo di un qualsiasi Organismo Vivente.

Questi Composti, infatti, proprio in quanto “Bio-logici”, partecipano in qualche modo della stessa Vita del “Vivente” (di cui sono parte essenziale) e, come tali, sono in grado di manifestare pertanto le caratteristiche fondamentali di ogni altro Sistema “Vivente”.

Cercheremo allora di vedere entro quali “limiti” il Principio di Massima Ordinalità, così come precedentemente formulato, può essere direttamente adottato anche per i Sistemi “Viventi”. E ciò consentirà di riscontrare anche in quali casi sarà più opportuno considerare ulteriori “Eccedenze Irriducibili”, che non sono mai contemplate nel caso dei “non-viventi”, proprio perché specifiche dei soli Sistemi “Viventi”.

Inizieremo dunque col considerare subito un aspetto che potrebbe definirsi il “più appariscente” nel campo dei Sistemi Biologici, e cioè quello delle “intrattabilità”, per via numerica, dei tradizionali modelli matematici abitualmente adottati nel campo delle Proteine. Ciò offrirà la possibilità di mostrare, subito dopo, come i nuovi modelli matematici, formulati in aderenza la Principio di Massima Ordinalità, siano invece in grado non solo di superare tale difficoltà, ma di offrire, allo steso tempo, anche una più aderente “fedeltà descrittiva”.

#### Introduzione

Come esempio Ostensivo dei “Sistemi Viventi” si possono considerare, elettivamente, i Composti Biologici e, tra questi, in modo particolare, le Proteine.

Questa scelta è dovuta al fatto che quest’ultime presentano alcune proprietà fondamentali che, di per sé, consentono di illustrare, in termini del tutto generali, gli aspetti più importanti relativi a tutti i vari “Sistemi Viventi” conosciuti. Non solo perché le Proteine sono elementi costitutivi di tutti gli organismi viventi, ma soprattutto perché ne rappresentano una componente essenziale.

Inizieremo allora col considerare due aspetti fondamentali riguardanti le Proteine: i) le *difficoltà di calcolo* che si incontrano per ottenere, in termini matematici, la loro effettiva configurazione strutturale (aspetto questo di particolare rilevanza in campo farmacologico); ii) e le difficoltà interpretative di una loro proprietà fondamentale: la loro ben nota *mono-chiralità*.

#### 1. II “Protein Folding”<sup>1</sup>

Con la terminologia “*Protein Folding*” si intende abitualmente indicare il Processo di “auto-strutturazione” (o forse meglio, di “Auto-Organizzazione”) di una Proteina, a partire dai suoi componenti costitutivi: gli Amminoacidi.

Questo Processo si manifesta di particolare rilevanza sotto un *triplice aspetto*: quello *farmacologico*, quello dei *tempi di calcolo* (richiesti per la risoluzione numerica del modello matematico corrispondente), e per quella particolarissima proprietà, tipica delle Proteine (anche se non esclusiva di quest’ultime), nota con il termine di *mono-chiralità*.

##### 1.1 Il Processo di Sintesi delle Proteine ed associati aspetti farmacologici

Le Proteine sono costituite da Amminoacidi (che sono complessivamente 20, pur tenendo conto di tutti gli organismi viventi a noi noti oggi). Ciascuna di esse è pertanto caratterizzata da una specifica *sequenza* di tali Amminoacidi, generalmente denominata “struttura primaria”. Cosicché tutte le diverse possibili sequenze conosciute danno origine alle 50.000 (e oltre) Proteine finora identificate.

La genesi di una Proteina, dal punto di vista dinamico, si origina a partire da una *sequenza* (pressoché *lineare* di amminoacidi e, da qui, in un intervallo di tempo dell’ordine del millisecondo, si auto-

---

<sup>1</sup> Questa parte ripropone, con alcuni aggiornamenti, rispetto a quanto già esposto in (Giannantoni C. & Rossi R., 2014, par. 3.3 e seguenti).

configura nella sua tipica struttura tridimensionale, che rappresenta la sua configurazione finale di equilibrio.

Tale processo, abitualmente noto come “*protein folding*” (o “auto-strutturazione della Proteina”), va generalmente a buon fine senza alcuna difficoltà. Altre volte, invece, tale processo presenta localmente dei difetti. Un sorta di “dis-articolazione” (o *mis-folding*), in conseguenza del quale (è ormai accertato) si ha l’insorgere di alcune patologie molto importanti, tra cui l’Alzheimer, il Parkinson, la fibrosi cistica, etc., nonché una decina di diverse forme tumorali.

Appare allora chiaro che, da un punto di vista terapeutico, sarebbe estremamente importante poter conoscere *dove* e, soprattutto, *perché* si originano questi difetti, al fine di poter prevenire tale evoluzione sfavorevole, oppure anche solo rallentarla. Oppure, nel caso peggiore, una volta avvenuta, riuscire a farla (anche solo in parte) recedere.

La cosa più ovvia sarebbe evidentemente quella di riuscire a simulare al computer tale processo di auto-strutturazione (il *protein folding*, appunto).

Tale problema, però, soverchia ampiamente le capacità di calcolo oggi disponibili, anche se si adottassero a tal fine i più potenti elaboratori attualmente esistenti al mondo. Ciò rappresenta ovviamente un notevole ostacolo allo sviluppo di una appropriata farmacologia, specificamente mirata alle malattie prima ricordate.

Questo aspetto suggerisce allora di analizzare in maggior dettaglio gli associati problemi di calcolo numerico e le possibili prospettive di soluzione.

### **1.2 Il *Protein Folding*: un problema “intrattabile” per antonomasia**

Per avere un’idea della complessità del problema dal punto di vista computazionale è opportuno confrontare il tempo caratteristico del *protein folding* ( $\sim 10^{-3}$  secondi), con i tempi caratteristici delle interazioni atomiche ( $\sim 10^{-15}$  secondi). Ciò significa che i codici di simulazione devono “riprodurre” il comportamento della Proteina per un tempo complessivo di formazione dell’ordine di  $10^{-3}$  secondi, valutando però le proprietà fisiche di tale sistema (e la dinamica corrispondente) ogni  $10^{-15}$  secondi. Devono cioè calcolare i singoli processi elementari per circa  $10^{12}$  volte.

Una ragionevole stima del tempo di calcolo per una Proteina composta di soli 2000 atomi (cioè una “piccola” Proteina), eseguito con il più potente calcolatore oggi disponibile al mondo (IBM 250P), caratterizzato da una capacità di calcolo di 1Teraflop (cioè pari a  $10^{15}$  operazioni al secondo), richiede all’circa 10.000 anni (Rosato et al., 2004).

A tal riguardo, però, è da sottolineare che, se invece di adottare l’abituale simulazione fondata sulla Meccanica Quantistica, la stessa Proteina venisse simulata come un Sistema di  $N$  elementi che si “auto-organizza” in conformità al Principio di Massima Ordinalità, i corrispondenti tempi di calcolo si ridurrebbero notevolmente, come illustrato al successivo paragrafo 1.3.

### **1.3 Semplificazioni di calcolo alla luce del Principio di Massima Ordinalità**

Queste semplificazioni sono principalmente dovute al fatto che, in questo caso, il modello matematico, formulato in termini Ordinali, presenta sempre delle soluzioni *totalmente esplicite* (come illustrato nelle Appendici 5, 6 e, in particolare, in Appendice 7).

In linea di principio, infatti, la Proteina può essere modellizzata come un Sistema Ordinale “a  $N$  corpi”, in cui ciascun elemento della Matrice Ordinale (2.2) è inteso come un’entità Inter-Agente, in termini Ordinali, con tutti gli altri elementi del Sistema.

Per di più, la scelta di un *riferimento interno* al Sistema non solo rivela chiaramente che nessun elemento rappresenta un “centro” privilegiato del Sistema (come del resto abbiamo già visto nel caso del Sistema Solare), ma si traduce anche in una notevole riduzione dei tempi di calcolo. E questo perché la descrizione del Sistema-Proteina può essere ora fornita, in termini del tutto equivalenti, attraverso *una qualsiasi coppia di elementi* (assunta come prospettiva fondamentale di riferimento), a partire dalla quale è possibile ottenere la configurazione spaziale di tutti gli altri elementi del Sistema, sulla sola base di  $(N - 1)$  fattori di correlazione, costituiti dalle Radici Ordinali dell’Unità (v. Relazioni d’Armonia in Appendice 6).

Queste proprietà, che sono tutte ovviamente riferibili al concetto di Matrice Ordinale, sono tali da ridurre la capacità di calcolo occorrente di circa  $10^6$  Flops. Ciò rende possibile la simulazione non solo di una Proteina composta da 2000 atomi, ma addirittura la simulazione del *folding* di una Proteina come la Distrofina, che è la più lunga Proteina esistente nel corpo umano, composta da circa 100.000 atomi (e il cui *mis-folding*, com’è ben noto, è all’origine della Distrofia Muscolare). Il tutto, in un tempo dell’ordine di alcuni minuti, adottando addirittura un semplice PC, di norma caratterizzato da una capacità di calcolo di qualche Petaflop (cioè  $10^9$  operazioni al secondo), (v. Giannantoni 2010b, 2011a).

Ma l'aspetto ancor più rilevante, dal punto di vista scientifico, è sicuramente quello della *mono-chiralità* delle Proteine.

## 2. La Mono-Chiralità delle Proteine

Per introdurre il concetto di "mono-chiralità" (e la sua pertinente rilevanza) può essere significativo richiamare una citazione di G. Gamow, il quale, nel corso di una sua trattazione sul Principio di "parità" (in Fisica Quantistica) osserva (quasi per associazione di idee) quanto segue:

*"Un fatto biologico fondamentale è che le molecole delle proteine che costituiscono il corpo di ogni essere vivente, sia esso un'ameba, un uomo, un'aringa o un rosaio hanno una simmetria sinistrorsa, mentre un mondo animale o vegetale a simmetria destrorsa non esiste sulla superficie terrestre. Tutto ciò è molto strano perché quando un chimico organico esegue una sintesi delle proteine dagli elementi, ne ottiene il 50% a simmetria sinistrorsa e il 50% a simmetria destrorsa."* (Gamow, 1965, p. 320). In sostanza, è come aprire un armadio e trovare una grande quantità di guanti. Però tutti "sinistri". E' ovvia la domanda: e i "destri", dove sono?

Da un punto di vista del tutto generale si può allora dire che la *mono-chiralità* è "un qualcosa" che caratterizza *tutti i "viventi"*. Ma l'aspetto più interessante è che essa può essere, alternativamente, o di tipo L (Levogira) oppure di tipo D (Destrogira).

Si riscontra così che le Proteine sono (come del resto già anticipato) *sempre e comunque* di tipo L, in *qualsiasi Organismo vivente*. In termini più precisi: "Tutti gli amminoacidi del mondo vivente sono in forma L e sono totalmente assenti i rispettivi stereoisomeri costituiti dalla loro *immagine speculare*." (Nieri L., 2007, p. 5).

Per altre sostanze organiche può avvenire esattamente il contrario. Per esempio "Il glucosio e il ribosio sono solo in forma D." (ib.). Come pure "Gli zuccheri presenti nel DNA e RNA sono di tipo D" (ib.). Proprio per questo alcuni studiosi arrivano ad affermare che "uno dei tanti misteri della *biochimica* terrestre riguarda la *chiralità* degli amminoacidi (ovvero, delle Proteine) e degli zuccheri presenti nel DNA e RNA." (ib.).

La mono-chiralità di alcuni composti bio-chimici, infatti, ed in particolare quella delle Proteine, è una proprietà che è stata scoperta intorno al 1930, ma non ha ancora ricevuto, a tutt'oggi, una spiegazione pienamente soddisfacente.

Orbene, senza entrare in una trattazione particolarmente dettagliata (come invece faremo al capitolo successivo), si può dire che il Principio di Massima Ordinalità, soprattutto per quella "preferenzialità" che caratterizza lo Spazio fondamentale delle Relazioni (v. cap. 2, Eq. (2.14.1), (2.14.2), (2.14.3)), sembra suggerire una strada particolarmente *promettente* per la ricerca di un possibile fondamento di tale proprietà (v. Giannantoni 2008b, cap. 18, 2010b, 2011a).

E questo semplicemente perché già le Relazioni di Armonia ottenute con riferimento ai Sistemi "non-viventi" (p. es. Il Sistema Solare) sono in grado di ostendere, di per sé, una specifica chiralità<sup>2</sup>.

A maggior ragione si può ritenere che ciò avvenga quando le stesse Relazioni di Armonia vengano trascritte con specifico riferimento ai Sistemi "viventi". In tal caso, infatti, queste Relazioni sono in grado di ostendere una *monochiralità* del tutto particolare, che appare, appunto, come una Qualità *specifica* dei Sistemi "Viventi".

In altre parole, possiamo *supporre* che tale particolare monochiralità sia una caratteristica specifica della "Vita". E pertanto, *non-riducibile* ad una interpretazione basata solo su "meccanismi" di interazione fra sistemi "non-viventi" (come è invece abitualmente orientata a fare l'attuale ricerca scientifica al fine di pervenire ad una possibile spiegazione). Tant'è vero che la monochiralità delle Proteine non si mostra in alcun modo "riducibile" a quella monochiralità, ben più semplice, che caratterizza anche i sistemi non-viventi, quando questi sono intesi come Sistemi "Auto-Organizzanti" (v. Giannantoni 2010b, 2011a).

Al fine di pervenire ad un preliminare riscontro della prospettiva appena enunciata, consideriamo la Riconfigurazione Ordinale di una Proteina così come può essere ottenuta per mezzo del Simulatore EQS, considerato cioè esattamente nella stessa versione precedentemente adottata per la descrizione dei Sistemi "non-viventi"

## 3. L'adozione del Simulatore EQS per l'auto-strutturazione di una Proteina

A tal fine, e solo per ragioni di chiarezza espositiva, considereremo preliminarmente l'auto-strutturazione di una "piccola" Proteina.

---

<sup>2</sup> Infatti le proprietà di "espansione", "rotazione", "torsione" che si osservano (p. es.) al livello del Sistema Solare, se vengono "disgiunte" dal concetto di Ordinalità, si "riducono" a concetti topologici tradizionali, come quello di "distanza", invece di ostendere, come Riflesso aderente, l'Ordinalità Armonica del Sistema, inteso come un *Unum mono-chirale*.

Il Simulatore EQS, infatti, fondato sulle Relazioni d'Armonia (nella forma "ridotta" di cui al cap. 2), consente di riconfigurare un *qualsiasi* Sistema costituito da un *qualsivoglia* numero  $N$  elementi, sulla base delle seguenti assunzioni:

- i) Considerata una qualsiasi *coppia* di elementi, questa può essere assunta come coppia di Riferimento (e convenzionalmente indicata come "12");
- ii) Una volta caratterizzata la loro *Unione Ordinale* (come Relazione di "coppia"), per mezzo di tre grandezze  $\{\Sigma_{12}, \Phi_{12}, \Theta_{12}\}$ , intese queste come gli esponenti dei corrispondenti "giratori" (previamente rappresentati in forma esponenziale);
- iii) Il Simulatore è in grado di fornire le terne di valori  $\{\rho_{1j}, \phi_{1j}, \theta_{1j}\}$  corrispondenti a tutte le coppie "1j", per j che va da 2 a  $N$ ;
- iv) A tal fine è sufficiente assegnare le proprietà dello *Spazio di Relazione Proprio* del Sistema, e cioè:
  - a) assegnare i valori delle tre grandezze  $\{\varepsilon_1, \varepsilon_2, \varepsilon_3\}$ , che caratterizzano l'orientamento dei "giratori" fondamentali (p. es., i valori  $\varepsilon_1 = 1, \varepsilon_2 = \pi/2, \varepsilon_3 = \pi/2$  corrispondono ad un orientamento dei "giratori" che, in una descrizione tradizionale, può essere interpretato come quello corrispondente (ancorché "riduttivamente") ai tradizionali assi cartesiani, ovvero ai versori i, j, k);
  - b) assegnare i valori delle tre grandezze  $\{\psi_1, \psi_2, \psi_3\}$  che caratterizzano la *periodicità specifica* degli elementi del Sistema, secondo il verso indicato da ciascun giratore (p. es., nel caso dei Sistemi "non-viventi", tutti e tre questi valori sono di norma assunti uguali a 1);
  - c) assegnare infine un valore di un ulteriore parametro  $\lambda$ , definito come  $\varphi = \lambda \cdot \mathcal{G} / \rho$ , il quale, come avviene per le tre grandezze precedenti, nel caso di Sistemi "non-viventi" assume di norma il valore 1; Sono questi, infatti, i parametri che caratterizzano lo *Spazio di Relazione Proprio* del Sistema, il quale, d'ora in poi, verrà sinteticamente indicato come  $\{SR\} = \{\varepsilon_1, \varepsilon_2, \varepsilon_3, \psi_1, \psi_2, \psi_3, \lambda\}$ .

A questo punto appare del tutto evidente che, se nel Riconfigurare una Proteina in termini Ordinali, si dovesse rivelare più opportuno assegnare a questi parametri un *valore diverso* rispetto a quelli precedentemente ricordati (e cioè quelli tipici dei Sistemi "non-viventi"), ciò rappresenterebbe certamente *una chiara indicazione* di una *qualche particolarità* che caratterizza lo Spazio di Relazione del Sistema "Vivente" considerato, rispetto a quello di un "non-vivente".

Come possibile esempio di "piccola" Proteina, possiamo considerare l'Insulina.

### 3.1 La struttura dell'Insulina

L'insulina è una "piccola" Proteina (più propriamente è un ormone). La sua struttura primaria è composta di due catene polipeptidiche denominate A e B. La prima è formata da 21 amminoacidi, mentre la seconda è composta da 30 amminoacidi.

Le due catene polipeptidiche sono unite fra loro da due ponti disolfuri, come illustrato in Fig. 1. L'Insulina pertanto, proprio perché composta complessivamente da 51 amminoacidi, è piuttosto "piccola" se confrontata con altre Proteine.

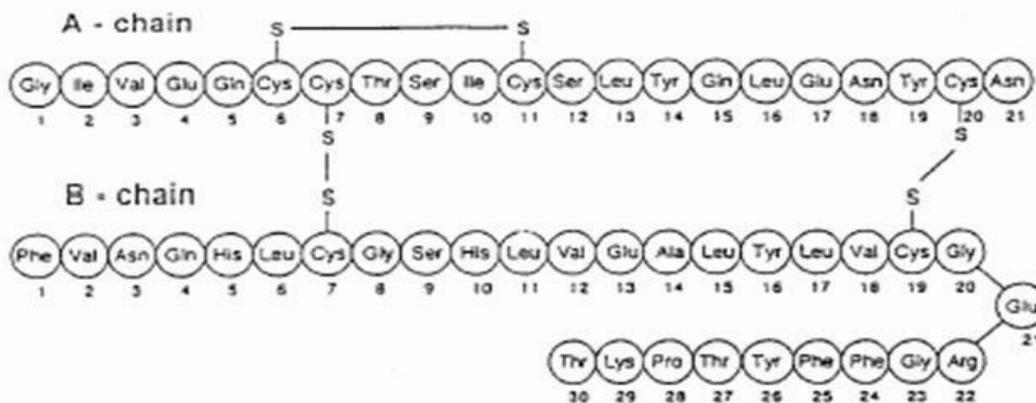


Figura 1. Struttura primaria dell'Insulina umana (National Library of Medicine, NIH)

### 3.2 Riconfigurazione Ordinale dell'Insulina con il Simulatore EQS

Per ottenere la Riconfigurazione Ordinale dell'Insulina è sufficiente tener conto del fatto che è composta da 51 amminoacidi, e assegnare *i valori più appropriati* ai parametri che definiscono il suo specifico Spazio di Relazione {SR}. Si ottiene così la Riconfigurazione Ordinale rappresentata in Fig. 2. Come si può osservare da un diretto confronto con la Fig. 1, la Riconfigurazione ottenuta è sufficientemente fedele a quella di Letteratura, anche se, per quanto la sua struttura "spaziale", si può già dire che questa è più propriamente interpretabile come la sua "struttura secondaria".

Sul significato delle Strutture "Spaziali" di *Natura Ordinale* torneremo più oltre, in particolare al capitolo successivo, quando considereremo l'Interazione fra due Proteine, in quanto, in quell'occasione, considereremo anche le loro correlative "Strutture *Terziarie e Quaternarie*".

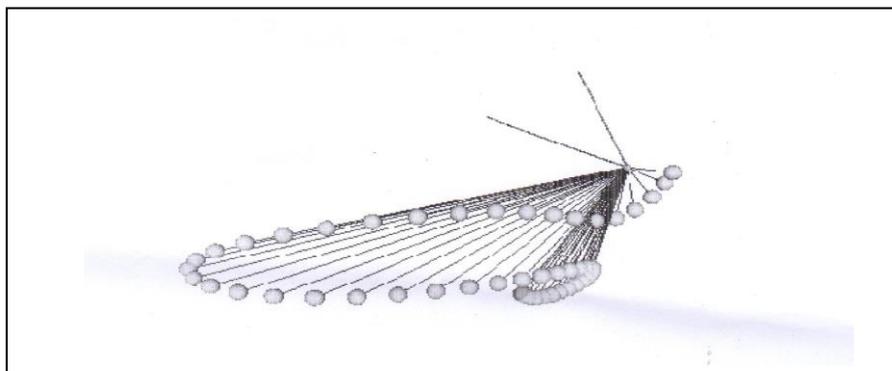


Fig. 2 - Struttura tridimensionale dell'Insulina  
(51 amminoacidi: 21 nella catena A e 30 nella catena B)

Per il momento, infatti, è di particolare importanza sottolineare che questa Riconfigurazione può ottenersi *solo* introducendo, come *input* al Simulatore EQS, una leggera "variante" rispetto al caso dei Sistemi "non-viventi". Tale variante consiste nell'assunzione di un fattore di *riduzione pari a 1/2 nella periodicità* delle Radici Ordinali dell'Unità. E ciò avviene precisamente con la corrispondente adozione dei valori  $\psi_2 = \psi_3 = 0.5$ , rispetto al loro abituale valore, pari a "1", tipico dei Sistemi "non-viventi".

Questa "variante" suggerisce allora l'ipotesi di esaminare se lo Spazio di Relazione {SR}, inteso come *Spazio Proprio* dell'Insulina (ma il discorso è valido per qualsiasi altra Proteina) possa essere "visto" come la "cifra topologica" di una *Nuova Forma di Generatività, Specifica* dei Sistemi "Viventi", e di *Natura completamente Diversa* da quella dei Sistemi "non-viventi".

Ciò non esclude tra l'altro che, nel passaggio dai Sistemi "non-viventi" ai Sistemi "Viventi", oltre ovviamente alla presenza di una diversa Ordinalità di Relazioni, dovuta proprio ad una diversa Generatività Specifica, si possa riscontrare anche il sussistere di una possibile *Gerarchia fra gli stessi Sistemi "Viventi"*, dovuta in questo caso alla presenza di *Generatività Specifiche* corrispondentemente diverse fra loro.

Al fine di esaminare con maggior dettaglio quanto appena anticipato, richiameremo dapprima alcuni concetti fondamentali relativi alla Generatività dei "non-viventi", per illustrare poi, a partire da questa, una possibile e più appropriata *rappresentazione formale* di una *Nuova Forma di Generatività, più specifica* dei Sistemi "Viventi".

#### 4. Il concetto di Generatività Specifica nei Sistemi "non-viventi"

In questo paragrafo esamineremo in maggior dettaglio quali sono gli aspetti fondamentali che "suggeriscono" di considerare un nuova Forma di "Generatività", più Specifica dei Sistemi "Viventi".

Allo stesso tempo mostreremo anche come sia *sempre possibile* rappresentare tale Generatività (ancorché in forma "riduttiva") attraverso l'adozione di particolari parametri caratteristici, tipici dello *Spazio di Relazione* dei Sistemi "non-viventi".

Tutto questo, però, *solo ed esclusivamente* nel caso in cui ci si limita a considerare i Sistemi "Viventi" con riferimento alle loro pertinenti Strutture "*Primarie e Secondarie*".

Negli altri casi, infatti, come vedremo ampiamente al capitolo successivo, volendo considerare anche le correlative Strutture "Terziarie e Quaternarie", occorrerà introdurre nuovi concetti e corrispondenti *rappresentazioni formali* molto più appropriate.

Se riprendiamo infatti il concetto di *Generatività* precedentemente introdotto al capitolo 1 (e, più articolatamente, in Appendice 1 e 5), possiamo subito evidenziare che:

i) Data una generica Relazione, scritta nella sua forma più generale (cioè di tipo esponenziale)

$$\tilde{f}(t) = e^{\ln \tilde{f}(t)} = e^{\tilde{\alpha}(t)} \quad \text{con} \quad \tilde{\alpha}(t) = \ln \tilde{f}(t) \quad (5.1)$$

ii) La corrispondente Generatività, rappresentata dalla sua Derivata Incipiente, caratterizzata anche da una generica Ordinalità (indicata con *Ord*) sarà espressa da

$$\left(\frac{\tilde{d}}{\tilde{d}t}\right)^{Ord} e^{\tilde{\alpha}(t)} = e^{\tilde{\alpha}(t)} \cdot (\overset{\circ}{\alpha}(t))^{Ord} \quad (5.2);$$

iii) Quando poi si formula più compiutamente un Problema Generativo, e si considera la condizione

$$e^{\tilde{\alpha}(t)} \cdot (\overset{\circ}{\alpha}(t))^{Ord} = \{0\} \quad (5.3),$$

quest'ultima, tenuto conto che l'esponenziale è sempre diverso da zero, si trasforma nella corrispondente condizione

$$(\overset{\circ}{\alpha}(t))^{Ord} = \{0\} \quad (5.4);$$

iv) Ciò vuol dire che la *rappresentazione Formale* che più propriamente, ma anche *effettivamente*, sta ad indicare una Generatività di Natura Ordinale, è l'espressione che compare a primo membro della (5.4), piuttosto che la Relazione Formale originaria (5.2), considerata nel suo insieme.

Proprio per questo l'espressione formale a primo membro della (5.4) può essere denominata *Generatività Specifica* e, per distinguerla nettamente *come concetto*, si può adottare, corrispondentemente, una *specificata notazione*. Per esempio, caratterizzandola con una sottolineatura:

$$\underline{(\tilde{d}/\tilde{d}t)}^{Ord} e^{\tilde{\alpha}(t)} = (\overset{\circ}{\alpha}(t))^{Ord} \quad (5.5).$$

Se consideriamo poi che è proprio questa la Generatività finora adottata per la descrizione dei Sistemi "non-viventi", al fine di poterla più facilmente distinguere dalla Generatività di cui parleremo in seguito con riferimento ai Sistemi "Viventi", la Generatività che compare nella (5.5) potrà anche essere

denotata come  $\underline{(\tilde{d}/\tilde{d}t)}_{\wedge}^{Ord}$ , dove il pedice " $\wedge$ " sta appunto ad indicare, convenzionalmente, l'esplicito riferimento ai Sistemi "non-viventi".

Le considerazioni appena svolte si mostreranno ora di particolare rilievo proprio ai fini della *introduzione formale* di una Generatività *Specificata* riferibile ai "Sistemi Viventi".

## 5. La Generatività dei Sistemi "Viventi"

Il concetto di "Generatività" dei "Sistemi Viventi", considerato in termini del tutto generali, è stato inizialmente introdotto in (Giannantoni 2008b, cap. 20). In quel contesto veniva già posto in evidenza come la Generatività dei "Viventi" rappresentasse una prima forma di Ordinamento fra i vari Sistemi "Auto-Organizzanti". Proprio perché ciò lasciava già trasparire il fatto che i "Viventi" potessero essere *fenomenologicamente* caratterizzati da una Generatività di Natura diversa da quella dei "non-viventi".

Queste considerazioni, associate a quanto già esposto nel precedente paragrafo, suggeriscono allora di introdurre, nei suoi più appropriati *termini formali*, una Generatività *Specificata* dei "Viventi". La quale, poi, come vedremo, si presenterà caratterizzata anche da una particolare forma di "consonanza" fra i diversi possibili livelli di Ordinalità.

### 5.1 La Generatività Specificata dei "Sistemi Viventi"

Nel caso degli Organismi "Viventi" infatti, si può pensare che, accanto al contributo già evidenziato,

dovuto alla  $\overset{\circ}{\alpha}(t)$ , e relativo alla sola Derivazione Incipiente del primo Ordine, possano concorrere, quasi in forma di *Consonanza Ordinale*, anche tutte le altre Derivate Incipienti di Ordine superiore. E queste,

poi, oltre ad essere tra l'altro tutte in Sintonia tra di loro, potranno rivelarsi anche in Sintonia con la stessa Relazione Generativa Originaria (5.2).

Ciò offre la possibilità di definire la *Generatività Specifica* di un "Sistema Vivente" come un *Unico Processo Generativo*, rappresentabile fenomenologicamente nella forma

$$(\underline{\tilde{d}/\tilde{d}t})_{\vee} = e^{(\tilde{d}/\tilde{d}t)} \quad (5.6).$$

Cosicché, in forma più esplicita, tale *Generatività Specifica* potrà esprimersi anche come

$$(\underline{\tilde{d}/\tilde{d}t})_{\vee} = e^{(\tilde{d}/\tilde{d}t)} = 1 \oplus (\tilde{d}/\tilde{d}t) \oplus \frac{1}{2!} (\tilde{d}/\tilde{d}t)^2 \oplus \dots \quad (5.6.1),$$

dove ora il pedice "v" (che compare a primo membro della (5.6.1)) sta ad indicare, convenzionalmente, che tale *Generatività Specifica* è riferita ad un *Sistema "Vivente"*.

Se consideriamo ora la possibilità di una definizione ancor più generale della (5.6), in quanto caratterizzata anche da una pertinente la Ordinalità, possiamo scrivere, più appropriatamente

$$(\underline{\tilde{d}/\tilde{d}t})_{\vee}^{Ord} = e^{(\tilde{d}/\tilde{d}t)^{Ord}} \quad (5.7).$$

Pertanto, con riferimento ad una generica Relazione  $e^{\tilde{\alpha}(t)}$ , si potrà scrivere più esplicitamente

$$(\underline{\tilde{d}/\tilde{d}t})_{\vee}^{Ord} e^{\tilde{\alpha}(t)} = e^{(\tilde{d}/\tilde{d}t)^{Ord}} \circledast e^{\tilde{\alpha}(t)} = e^{(\tilde{\alpha}(t))^{Ord}} = \{1 \oplus (\overset{\circ}{\alpha}(t))^{Ord} \oplus \frac{1}{2} (\overset{\circ}{\alpha}(t)^2)^{Ord}\} \oplus \dots \quad (5.8).$$

La Relazione (5.8) esprime allora, in termini formali, il concetto (già anticipato) secondo cui la *Generatività Specifica* dei "Viventi" è l'*Esito Emergente* di una "Composizione" (o forse meglio, una *Sintonia Compositiva*) tra la Relazione Originaria e tutti gli *Ordini di Generatività* ottenibili da quello fondamentale (cioè quello del primo Ordine).

L'introduzione di questo concetto di *Generatività Specifica*, riferibile ai soli "Sistemi Viventi", suggerisce allora di svolgere alcune importanti riflessioni su alcuni aspetti qui di seguito elencati, che verranno esaminati nel successivo paragrafo, ma soprattutto al capitolo successivo. Ci si può infatti chiedere:

- i) Quali potranno essere i possibili "Riflessi" di tale definizione sulla Struttura della Matrioska Ordinale del Sistema e sulle corrispondenti Relazioni di Armonia;
- ii) E, a tal riguardo, quali possibili "Riscontri" potranno corrispondentemente fornirsi a sostegno dell'approccio appena proposto;
- iii) Allo stesso tempo ci si può chiedere se tale *Generatività* potrà essere davvero in grado di Ostendere l' "Eccedenza" del Concetto di "Vita" (rispetto ai Sistemi "non-viventi"), p. es., attraverso le corrispondenti e specifiche "Soluzioni Emergenti";
- iv) Ed infine, se tutto ciò può condurre a riconoscere l'esistenza di una possibile *Gerarchia* fra i vari "Sistemi Viventi", che si "Rifletterebbe" poi nelle correlative "Strutture" (v., p. es., gli abituali concetti di Strutture Primarie, Secondarie, Terziarie).

I primi due aspetti verranno considerati nel prossimo paragrafo. Gli ultimi due, invece, verranno affrontati nel capitolo successivo. E questo perché la loro trattazione richiede, previamente, l'introduzione di qualche altro concetto fondamentale.

## 5.2 "Riflessi" sulla Struttura della Matrioska Ordinale del Sistema e sulle corrispondenti Relazioni di Armonia

Per illustrare più chiaramente quest'aspetto è bene partire dalla relazione (5.8), in cui, per semplicità, consideriamo (per ora) solo i primi due termini. Ciò vuol dire che, la relazione corrispondente alla (5.4) (che è quella tipica dei Sistemi "non-viventi"), diviene ora

$$1 \oplus (\overset{\circ}{\alpha}(t))^{Ord} = \{0\} \quad (5.9).$$

Se confrontiamo ora la (5.9) con la (5.4) (che, lo ripetiamo, è quella generalmente adottata nella descrizione dei Sistemi "non-viventi"), si può facilmente riconoscere che le soluzioni del tipo  $\tilde{\alpha}_{ij}(t)$ ,

che si originano in questo caso dal P. d. M. Ordinalità, non sono altro che le soluzioni della (5.9), quando quest'ultima è considerata nella sua forma omogenea (e, correlativamente, in forma "ridotta").

Ciò vuol dire che, nel caso dei "Sistemi Viventi", le nuove soluzioni  $\tilde{\alpha}_{ij}^*(t)$  che si originano dal P. d. M. Ordinalità (così come indicato dalla (5.9)), possono essere considerate del tutto "analoghe" a quelle che si otterrebbero se il Sistema venisse considerato come fosse un "non-vivente", ma con l'*ulteriore contributo* "compositivo" dovuto ad una soluzione *particolare* della (5.9), considerata nella sua integralità, cioè nella forma *non-omogenea*.

Lo stesso può ovviamente ripetersi anche nel caso si considerasse un numero più elevato di termini nello sviluppo (5.8). E questo perché le soluzioni corrispondenti sarebbero sempre soluzioni di una equazione differenziale lineare di ordine superiore. Pertanto, la corrispondente soluzione generale, valutata ad un determinato istante  $t_0$ , sarebbe comunque rappresentata (sempre in forma "riduttiva") da un unico scalare.

Ciò vuol dire che l'adozione dalla (5.9), o della più generale relazione che si ottiene a partire dalla (5.8), non altera sostanzialmente la Struttura Generale della Matrioska Ordinale di un Sistema "Vivente", in quanto le precedenti Soluzioni  $\tilde{\alpha}_{ij}(t)$  vengono ora semplicemente sostituite dalle nuove "Soluzioni Emergenti"  $\tilde{\alpha}_{ij}^*(t)$ . Lo stesso può dirsi, analogamente, per le corrispondenti Relazioni d'Armonia.

Ciò nondimeno, le nuove soluzioni  $\tilde{\alpha}_{ij}^*(t)$  possono introdurre delle "variazioni" nella "periodicità" delle Radici Ordinali dell'Unità. Ed è esattamente questo l'aspetto fondamentale che, nel caso della Riconfigurazione della Struttura Ordinale dell'Insulina, ha suggerito di introdurre, nel Simulatore EQS, un fattore di "riduzione" pari a  $\psi_2 = \psi_3 = 0.5$  nelle corrispondenti periodicità delle Radici Ordinali dell'Unità (v. par. 3.2).

Sulla base di quanto appena esposto, siamo in grado di affermare che la Riconfigurazione Ordinale dell'Insulina, ottenuta con il Codice EQS, attraverso una appropriata "modifica" dello Spazio di Relazione" (in particolare nella periodicità dalle Radici Ordinali dell'Unità), può essere considerata come un valido Esempio Ostensivo per una possibile Riconfigurazione anche di altri Composti Biologici, caratterizzati da un numero di componenti ben più elevato.

Questo aspetto è sicuramente di particolare rilievo non solo per quanto riguarda la Riconfigurazione di un singolo Composto Biologico, considerato "a sé stante" (cioè come fosse "isolato"), ma anche perché, in prospettiva, è sicuramente importante per l'analisi dell'*interazione* fra due Composti Biologici, fra loro distinti, con l'obiettivo di poter Riconfigurare, sulla base dello stesso procedimento adottato, anche il Composto Finale (da essi) "Emergente".

Ed è quello che cercheremo di mostrare nel capitolo successivo, considerando due casi di Riferimento:

- i) l'Interazione Ordinale fra due Proteine, notoriamente composte di *Amminoacidi*;
- ii) e la possibile "Trasposizione" della Metodologia adottata al caso di Interazione Ordinale fra due Composti Biologici composti invece di sole *Basi*, come nel caso del Processo di Exon Skipping nella Distrofia Muscolare.

In tal modo sarà anche possibile ottenere un diretto "Riscontro" a sostegno della validità dall'approccio proposto, in quanto le varie Riconfigurazioni ottenute verranno sempre confrontate con i test sperimentali al riguardo.