

PER UNA STORIA PROFONDA DELLA VITA
(Commento a D. Quammen, *L'albero intricato*, Adelphi, Milano 2020)

di
Marco Petruccioli

«Come i germogli crescendo danno vita a nuovi germogli, così credo sia avvenuto per generazioni nel grande albero della vita, che riempie con i suoi rami morti e spezzati la crosta terrestre e ne copre la superficie con sempre nuove, splendide ramificazioni»

CHARLES DARWIN

Il pensiero occidentale è attraversato da una grande quantità di immagini, elementi evocativi, paradigmatici e residuali, le cui origini sfumano spesso in una dimensione arcaica, e tuttavia capaci, ancora oggi, di produrre effetti nella nostra esperienza storica. Il percorso che ha condotto fino al presente tali immagini è irregolare, costellato di lunghi periodi di latenza, improvvise risorgenze e repentini sprofondamenti.

L'ultimo libro di David Quammen, *L'albero intricato*¹, è la storia di un'immagine, quella dell'albero della vita, di come essa abbia subito una trasformazione e slittamento di senso all'approssimarsi del XX secolo, svincolandosi con Darwin dal contesto teologico di provenienza, di come sia riuscita a imporsi in quanto archetipo fondamentale della narrazione della vita in senso alle scienze del vivente e di come infine, alle soglie del XXI secolo, sia divenuta sempre meno soddisfacente e sempre più contestata. Il suo graduale accantonamento, proposto ormai da un numero crescente di ricercatori, non va letto come un ritorno alla latenza dovuto semplicemente al ritrovamento di una nuova immagine capace di rappresentare meglio la ricostruzione storica vigente. Per Quammen si tratta piuttosto di prendere atto, alla luce della «valanga di dati genomici»² in possesso della biologia evoluzionistica, che probabilmente riassumere il corso dell'evoluzione in una singola immagine ordinata è ormai divenuto impossibile. Seguendo le argomentazioni dell'autore sembra che a questo recente ambito del sapere, indicabile come *filogenetica molecolare* o *tassonomia proteica*, spetti un oggetto di studio - *la vita* - costitutivamente caotico e irriducibile a schemi ultimi e definitivi. Come se, al cuore della riflessione della biologia, giacesse un'«esperienza extrabiologica»³ - per usare le parole di Carl Woese, uno dei protagonisti di questo libro - la cui collocazione in un albero genealogico universale delle forme di vita terrestri risulta difficile se non impossibile.

Quale che sia il suo destino a venire, l'albero della vita ha avuto un ruolo fondamentale nella costruzione e nello sviluppo del paradigma epistemologico portante assunto dalla biologia a partire dal

¹ D. QUAMMEN, *L'albero intricato*, Adelphi, Milano 2020.

² N. GOLDENFELD, C. WOESE, *Biology's Next Revolution*, in *Nature*, 2002, p.369.

³ C. WOESE, *The birth of the Archaea: a personal retrospective*, in *Archaea: Evolution, Physiology, and Molecular Biology*, a cura di R. Garnett e H. P. Klenk, John Wiley & Sons, Hoboken (NJ) 2007, p.7.

Positivismo. La potenza evocativa di questa antica immagine ha, per lungo tempo, indicato la direzione ai ricercatori, fornendo uno schema generale, un *tableau*, in cui collocare i dati che venivano accumulandosi. Un «indicatore epistemologico»⁴, per usare le parole di Foucault, o «una cordicella per indicare la direzione»⁵, per usare quelle di Kant: in ogni caso uno strumento, da utilizzare quindi finché aderente a scopi e necessità della ricerca.

La storia di tale immagine viene scandita da Quammen attraverso le vite di coloro che maggiormente si dedicarono a definirla, accrescerla e coltivarla: ricercatori, appassionati, scienziati, ma soprattutto tecnici di laboratorio, capaci di riutilizzare strumenti e regole, convertendoli a nuovi scopi e usi. Nella sua personale agiografia scientifica Quammen lascia emergere la natura tecnico-artistica della prassi scientifica, come nel caso di Colin MacLeod, che per ottenere una *purea cellulare* riadattò una scrematrice industriale, o di Mitch Sogin, che usando lamine di plastica traslucida, una luce al neon e un po' di fosforo radioattivo ottenne per la prima volta le *impronte genetiche* di frammenti di RNA.

Il sipario si apre sul taccuino B di Charles Darwin, risalente al 1837, ovvero al periodo successivo al viaggio sul Beagle. Il problema della «*trasmutazione*» degli esseri viventi era ormai inaggirabile per il giovane Charles, pur non essendovi ancora alcuna soluzione circa il meccanismo centrale - la *selezione naturale* - che avrebbe dovuto regolarne il corso. L'immagine migliore per dare ordine ai dati a disposizione era quella di un albero. Nessuna novità: l'uso di tale immagine, dalla *Genesi* fino a Jean-Baptiste Lamarck il modello prevalente per indicare l'ordine di gradazione degli esseri viventi, era già ben consolidato. Ma, fino ad allora, l'albero era stato una semplice similitudine, un modo di disporre i dati basato sulla somiglianza esteriore, senza implicare alcuna ipotesi circa l'origine e la derivazione degli esseri ivi disposti. Darwin, per la prima volta, ipotizzò invece che la similitudine potesse corrispondere al vero. Ma non era del tutto convinto che quell'immagine fosse la più adatta: «Forse l'albero della vita dovrebbe essere chiamato il corallo della vita, giacché la base della ramificazione è morta»⁶. Il problema dell'albero era ciò che suggeriva circa la presenza delle forme ancestrali: in natura le forme più antiche, progenitrici di quelle attuali, sono fuori dal recinto della vita, mancanti e quindi direttamente inespugnabili. Nell'albero invece, accanto ai rami che germogliano, indici delle nuove specie che vengono alla luce, permangono le radici, vive e vegete. Il corallo, al contrario, si presta meno a incomprensioni, indicando che solo le zone periferiche sono vive, mentre il resto, le forme più antiche, sono semplici residui calcificati. Prevalse però l'albero. Questa immagine, per quanto foriera di equivoci, era un'«ipotesi attraente», capace di ottenere subito successo e di surclassare anche la *scala della natura* di Charles Bonnet.

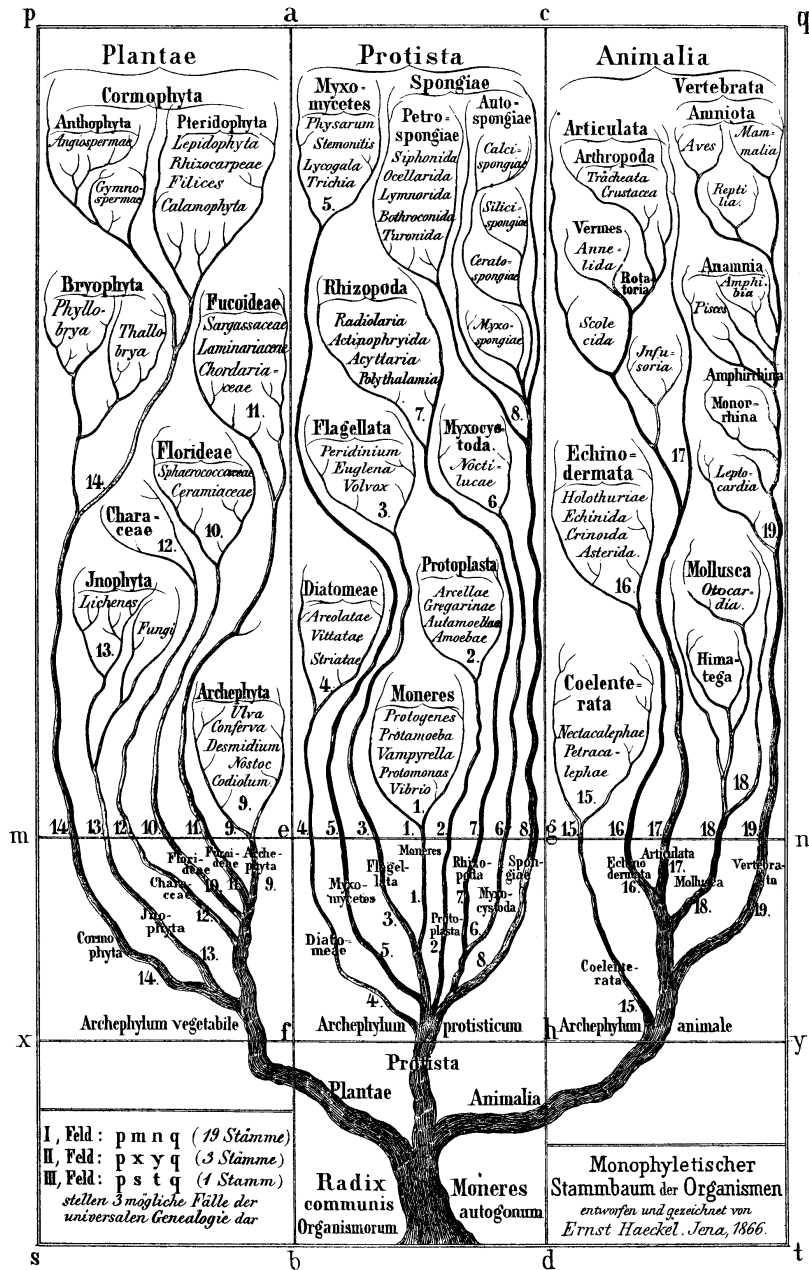
Grazie a Ernst Haeckel, zoologo e artista tedesco, tra i maggiori artefici della diffusione del Darwinismo agli inizi XX secolo, l'ipotesi prese la forma di uno *Stammbaum des Organismen*, un grande albero genealogico della totalità degli esseri viventi. Haeckel non solo decorò l'albero, rendendolo esteticamente apprezzabile, ma per descriverne dinamiche e contesti di senso forgiò alcuni dei concetti fondamentali della biologia, quali ecologia, filogenesi e ontogenesi. Dato inoltre che l'immagine si prestava perfettamente a spiegare il processo di speciazione come crescente divergenza dei rami, si

⁴ M. FOUCAULT, N. CHOMSKY, *Della natura umana. Invariante biologico e potere politico*, DeriveApprodi, Roma 2005, p.12.

⁵ I. KANT, *Philosophische Enzyklopädie*, in *Gesammelte Schriften. Akademie-Ausgabe*, XXIX, De Gruyter, Berlin 1973, p.7.

⁶ C. DARWIN, *Taccuini 1836-1844. Taccuino Rosso, Taccuino B, Taccuino E*, Laterza, Roma-Bari 2008, p. 25.

ispirò al diagramma ramificato dell'albero genealogico delle lingue proposto dal linguista August Schleicher.

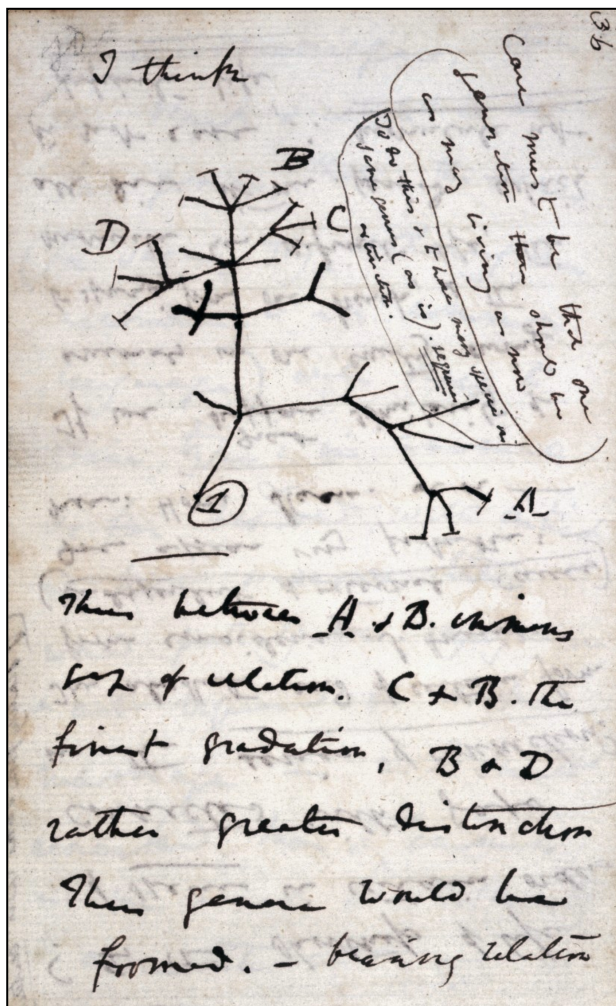


Nei decenni successivi, sulla base di questo schema generale, la ricostruzione delle ramificazioni continuò, grazie soprattutto ai reperti fossili, uniche e indispensabili testimonianze delle forme di vita scomparse. Rimanevano tuttavia fuori dalla possibilità di una classificazione diretta, o quantomeno in una zona di arbitraria indecidibilità, tutti gli esseri invertebrati e unicellulari, di cui era estremamente difficile, se non impossibile, rinvenire testimonianze fossili. Nel 1962 due dei massimi microbiologi al mondo, Cornelius Van Niel e Roger Stainer, a cui è dovuta la massima distinzione degli esseri viventi in procarioti ed eucarioti, dopo decenni dedicati all'impresa di una tassonomia batterica, gettarono la spugna. Mancanza di fossili, caratteristiche fisiologiche fuorvianti, comportamenti variabili: tutti i tradizionali classificatori tassonomici erano insufficienti. Fare ordine nel *mare magnum* della microbiologia sembrava

un'impresa insensata e caotica. Non a caso Linneo, nel suo *Systema Naturae* del 1774, indicò il gruppo di appartenenza dei batteri e di altre piccole creature con il termine «Caos».

Sul finire degli anni '50 però Francis Crick, realizzatore insieme a James Watson del primo modello di DNA, proponeva l'idea di una *tassonomia proteica*, ovvero le molecole afferenti al DNA avrebbero potuto fornire prove circa il grado di derivazione da una «molecola ancestrale comune». Ciò significava poter valutare l'entità delle differenze tra esseri viventi correlandole al tempo trascorso e quindi costruire un albero filogenetico molecolare universale. L'elemento di radicale novità in tale variante dell'albero della vita consisteva nel non dover più ricorrere ai tradizionali classificatori: ogni cellula diventava portatrice di «reperti fossili interni»⁷, tracce archeologiche capaci di indicare le «antiche sequenze progenitrici»⁸.

Il corso della vita sulla Terra copre un lasso di tempo di circa 4 miliardi di anni, di cui solo l'ultima fase, circa 500 milioni di anni, caratterizzata dalla vita pluricellulare. Sulla base dei limiti di classificazione, prima della scoperta del DNA, la biologia evuzionistica poteva concentrarsi solo sulla fase più recente. Ma con la tassonomia proteica diveniva possibile avventurarsi nella storia profonda della vita, negli abissi di un passato altrimenti irraggiungibile.



A compiere i primi passi oltre questa soglia fu Carl Woese, forse il vero protagonista del libro, un biofisico prestato alla microbiologia che dalla metà degli anni '60 cercò di comprendere il mistero dell'origine della vita e dei suoi meccanismi più profondi. Il suo obiettivo era di sequenziare diverse varianti di una molecola proveniente dal nucleo più profondo della vita cellulare, per dedurre la storia delle relazioni evolutive sia dalle origini. A Woese era chiaro che la biologia, con le nuove possibilità che si stavano proprio allora schiudendo, correva il rischio di ridursi a disciplina ingegneristica al servizio di una spiegazione meccanicistica della vita. Per scongiurare tale eventualità era necessario confrontarsi col problema dell'origine e dunque con l'elemento storico: «la biologia profonda necessita del passato profondo»⁹.

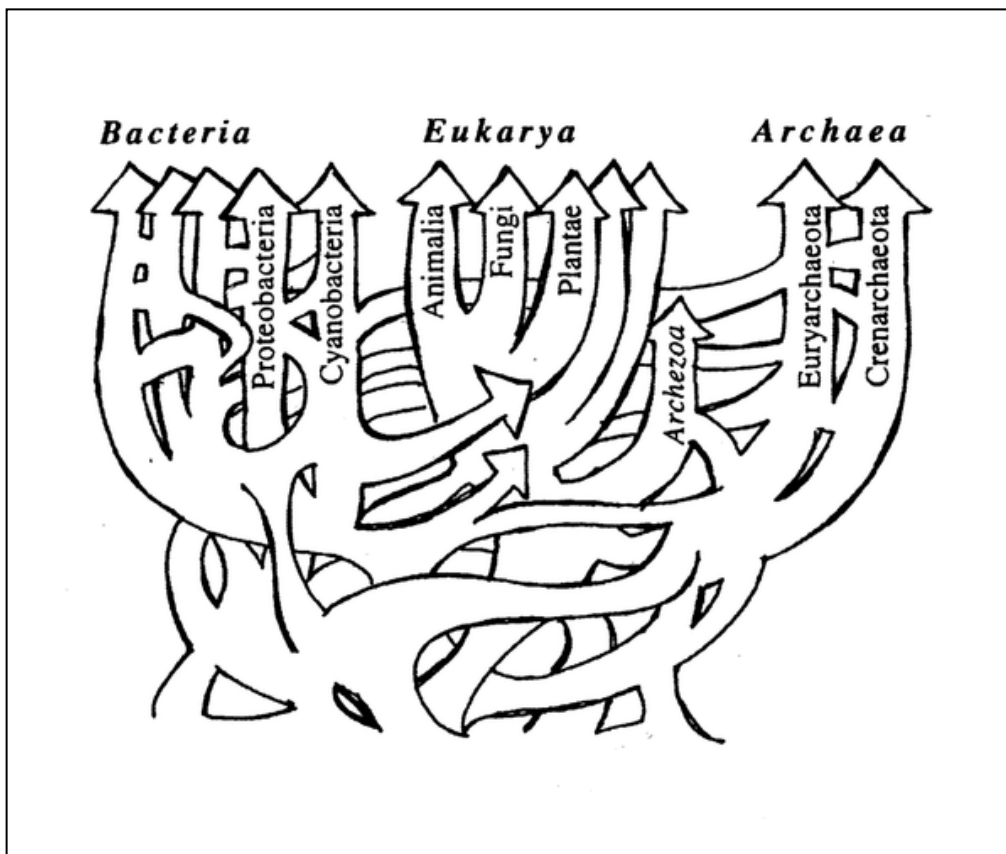
Per l'analisi delle impronte genetiche venne scelta una molecola, rRNA 16S, componente strutturale di tutti i batteri, ma ricercata nello specifico in alcuni batteri metanogeni, dal comportamento insolito e ritenuti prossimi agli abitanti della Terra di 4 miliardi di anni fa, prima dell'avvento dell'ossigeno nell'atmosfera. Nel suo inedito sito

⁷ C. WOESE, F. CRICK, 24 Giugno 1969 in *Woese Archives*, University of Illinois, Champaign-Urbana.

⁸ *Ibidem*.

⁹ D. QUAMMEN, *L'albero intricato*, Adelphi, Milano 2020, p. 73.

archeologico, Woese scoprì però qualcosa di inaspettato: non si trattava di batteri. Le impronte non appartenevano né a un procariote, ma neppure a un eucariote - la massima distinzione tra forme di vita operata da Van Niel e Steiner, una delle nozioni date universalmente per certe dalla microbiologia. Woese si trovò per la mani non un batterio, ma un microrganismo antichissimo, una «forma di vita separata» e alternativa alla dicotomia ufficiale. Per quel che si sapeva allora, questa forma di vita non sarebbe dovuta esistere, in quanto extrabiologica - come si trattasse di un alieno introdotto furtivamente in tempi remoti sul pianeta, un'eccezione alle regole di classificazione fino ad allora accettate. A questi esseri fu dato il nome di *Archei*: un nuovo regno, una nuova massima divisione, sulla cui scorta era necessario rimettere mano all'albero della vita. E Woese in effetti continuò a lavorare a tale nuovo albero, ultimo e definitivo, capace di riassumere la totalità della vita.



Mentre questa immagine continuava a modificarsi, prendendo nuove forme, gli studi sui batteri procedevano, conducendo alla scoperta dell'HGT (*horizontal gene transfer*), secondo Quammen «il fenomeno più inaspettato che i biologi hanno scoperto nel secolo scorso»¹⁰, nonché un duro e inaspettato colpo per l'albero della vita. Il presupposto su cui si basava il suo utilizzo in quanto immagine dei rapporti evolutivi cominciava a venir meno: l'eredità genetica non si trasmette solo in via verticale, secondo un vettore genealogico, ma a volte usa passaggi orizzontali. Nel '68 Ephraim S. Anderson, un batteriologo inglese, studiando ceppi di batteri intestinali, riscontrò una tale frequenza di tali passaggi orizzontali da indicarlo come il meccanismo principale di evoluzione della parte più consistente del bioma terrestre. Per capacitarci dell'effettiva entità quantitativa del dato, basti pensare

¹⁰ *Ivi*, p.262

che in ciascun corpo umano le cellule batteriche superano in rapporto di 3 a 1 quelle umane, senza contare quelle non batteriche, come particelle virali, cellule fungine, archei e altre ancora (per un totale di circa 10.000 specie differenti). Si apriva ovvero una prospettiva rivoluzionaria - geni capaci di saltare lateralmente di individuo in individuo, inserendosi nella cellula e divenendo ereditari - che portò all'idea di *evoluzione reticolata*. I rami di un albero non convergono: una volta che nasce una specie non è possibile tornare a riunire ciò che è stato separato. Ma i dati cominciavano a negare la similitudine: l'*inosculazione* (in botanica la fusione di ramificazioni divergenti) era più frequente di quanto non si credeva. Il fenomeno venne ulteriormente studiato e si scoprì che il salto poteva avvenire - e di fatto lo faceva - anche tra regni della vita molto distanti.

Nel 1998 James R. Brown e Ford Doolittle, sulla scorta di nuovi dati circa l'HGT, giunsero a ritenere che il concetto di linee cellulari assunto dall'approccio genealogico-verticale in biologia non aveva senso: «forse non esiste un unico albero della vita. Oppure, se c'è qualcosa in grado di raffigurare la storia della vita, forse non è neppure un albero»¹¹.

La trasformazione radicale della biologia implicata dagli studi sui batteri, sui loro microbiomi e sulle conseguenze per gli altri esseri viventi è appena iniziata. La narrazione di Quammen nel finale lascia intravedere l'avvento di questa rivoluzione - la terza, dopo quella darwiniana e quella della Sintesi Moderna - segnando la fine, o quantomeno il ridimensionamento, dell'immagine dell'albero, incapace ormai di dare conto di una *rete della vita* e della convergenza di ramificazioni divergenti.

Forse, come suggerisce Quammen, l'immagine dell'albero ha fatto davvero il suo tempo in un'epoca come la nostra, dominata dalla scienza e ossessionata dai dati. Ma forse era assurdo fin dappprincipio ritenere che un'immagine, una raffigurazione statica delle relazioni intercorrenti tra elementi, potesse rappresentare il corso di quello che Darwin chiamò la *trasmutazione* degli esseri viventi, un'entità dinamica e refrattaria a schematizzazioni ultime e definitive. Da questo punto di vista che si tratti di un albero, un corallo, una ragnatela, una scala, un orologio o una rete, in fondo non cambia più di tanto. L'immagine statica di una processione nel tempo porta con sé uno scarto incolmabile, un'aporia di cui la scienza non riesce a render conto.

Carl Woese, nella sua ossessione per l'origine, nel suo incessante e tragico tentativo di raggiungere gli abissi della *storia profonda* della vita, arriva a cogliere la situazione paradossale della biologia: descrivere «un percorso evolutivo che prende le mosse dai fatti, procede per deduzione e sfuma nell'immaginazione»¹². Il punto d'arrivo - l'origine - nella biologia come altrove, si sposta sempre un po' più in là, oltre l'ultimo dato disponibile.

¹¹ J.R. BROWN, W.F. DOOLITTLE, F.T. ROBB, Y. MASUCHI, *Evolutionary relationship of bacterial and archeal glutamin synthetase genes*, in *Journal of molecular evolution*, 38, 6, 1994, p.575.

¹² C. WOESE, *Bacterial evolution*, in *Microbiological Reviews*, 51, 2 1987, p. 264.