

Publicazione mensile della sezione veronese della MATHESIS – Società Italiana di Scienze Matematiche e Fisiche – Fondata nel 1895 – Autorizzazione del Tribunale di Verona n. 1360 del 15 – 03 – 1999 – I diritti d'autore sono riservati. Direttore: Luciano Corso – Redazione: Alberto Burato, Sisto Baldo, Fabrizio Giugni, Michele Picotti, Bruno Stecca – Via IV Novembre, 11/b – 37126 Verona – tel e fax (045) 8344785 – 338 6416432 – e-mail: lcorso@iol.it – info@mathesisverona.it – Stampa in proprio – Numero 235 – Pubblicato il 04 - 04 - 2018

Cravatte

di Andrea Centomo [*]

Nel primo capitolo del nostro *Frammenti di matematica elegante* [B.1], dopo tanti anni, abbiamo focalizzato nuovamente l'attenzione su un oggetto di interesse matematico *par excellence*: la cravatta. Ci sono almeno due aspetti per i quali una cravatta è matematicamente interessante: il suo nodo e, in certi casi, il motivo del tessuto con cui è stata confezionata.

Il secondo aspetto è in generale meno significativo del primo. Tuttavia se consideriamo ad esempio il motivo geometrico della cravatta di Hermès di Figura 1, è piuttosto evidente come esso sia non banale.

Se trascuriamo la colorazione, è chiaro che si tratta di una tassellazione *periodica* del piano monoedrica (l'unico tassello utilizzato per realizzarla ha la forma di un elefantino). La *periodicità* della tassellazione è legata al fatto che esistono almeno due traslazioni in direzioni diverse che la lasciano invariata. Il gruppo di simmetria completo in una tassellazione periodica può essere solo uno tra 17 "wallpaper group" che ne costituiscono la classificazione. Si lascia al lettore per esercizio di scoprire quale!



Figura 1. Motivo Hermès

La colorazione del motivo introduce degli elementi di rottura di simmetria che hanno lo scopo di aumentarne il grado di esteticità riducendo la monotonia della ripetizione simmetrica. Abbiamo motivo di pensare che il *designer* che ha ideato questo motivo fosse a conoscenza della tecnica, largamente impiegata da M.C. Escher, per la realizzazione di diverse tassellazioni del piano euclideo e iperbolico con tasselli riconoscibili. L'interesse della tecnica di Escher per la matematica e il suo legame con il concetto di "wallpaper group" è ampiamente descritto nel meraviglioso volume *Visioni della Simmetria* di Doris Schattschneider [B.3] al quale si rimanda per ogni approfondimento.

Il nodo della cravatta, indipendentemente dal tipo di tessuto, è forse l'oggetto maggiormente attraente per un matematico. Di fronte al nodo nascono subito domande interessanti: come rappresentarlo matematicamente? Come contare tutti i nodi? Come sbrogliare un nodo? E via di seguito.

Combinatoria dei nodi di cravatta. Il conteggio dei nodi di cravatta si trasforma in un semplice esercizio di calcolo combinatorio una volta compreso che un nodo di cravatta può essere pensato come una stringa di caratteri finita, priva di doppie e formata solo dalle lettere S, D e C. Un paio di esempi saranno sufficienti per chiarire il senso di questa affermazione.

Il nodo di cravatta più diffuso in occidente, il tiro a quattro, è descritto dalla stringa finita di caratteri DSDC in quanto se muoviamo la pala della cravatta (inizialmente adagiata sulla spalla sinistra) per ottenere il nodo dovremo prima muoverla a destra (D), poi a sinistra (S), quindi di nuovo a destra (D) e finalmente farla passare per il centro (C) per poi concludere il nodo con i dovuti aggiustamenti.

Una stringa diversa, ad esempio DSCDSC, produrrà un nodo diverso; in questo caso il nodo mezzo windsor. Per eseguirlo sarà sufficiente muovere la pala della cravatta seguendo i movimenti indicati dalla stringa: prima a destra, poi a sinistra, quindi passando per il centro per concludere con la sequenza di chiusura destra-sinistra-centro a cui segue l'aggiustamento del nodo.

Formalizzate queste idee, in modo un po' più preciso di come abbiamo fatto sopra, diventa piuttosto elementare calcolare il numero dei nodi di cravatta possibili in quanto in sostanza si tratta di contare un insieme opportuno di stringhe finite [B.1].

Topologia dei nodi. La rappresentazione di un nodo di cravatta come una stringa finita di caratteri permette a chiunque di divertirsi ad annodare la cravatta nelle maniere più bizzarre. Detto di passaggio, ci sono 85 modi per eseguire un nodo con al più nove movimenti!

Avere a disposizione un set di nodi relativamente ampio ci permette di iniziare a familiarizzare con il concetto topologico di nodo. In modo formale un nodo si può definire come un'*immersione* di una circonferenza in una sfera dello spazio euclideo tridimensionale. Da questo punto di vista, per poter ricondurre un nodo di cravatta ad un nodo topologico, è necessario immaginare che la cravatta sia una linea e, una volta annodata, aver cura di far coincidere i suoi estremi. Se eseguiamo praticamente un nodo mezzo windsor e lo disponiamo *opportunamente* su un tavolo, facendo combaciare punta della pala con punta del codino della cravatta, ad esso possiamo far corrispondere un **diagramma** (vedi Figura 2). L'avverbio "opportunamente" andrebbe sostituito con delle precisazioni rigorose, ma non è difficile intuire che ciò che si vuole dire è che bisogna disporre il nodo non introducendo singolarità o degenerazioni evitabili, delle quali ci si potrebbe liberare muovendolo un poco.

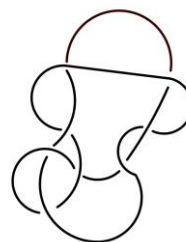


Figura 2. Diagramma di un nodo

Un problema risolto da Reidemeister consiste nel classificare le possibili modificazioni *continue* del diagramma in modo tale che ad esse corrispondano tutte le possibili configurazioni spaziali del nodo. Reidemeister dimostra in modo piuttosto sorprendente che esistono solo tre mosse che unite a deformazioni banali (modifiche continue del diagramma che non alterano

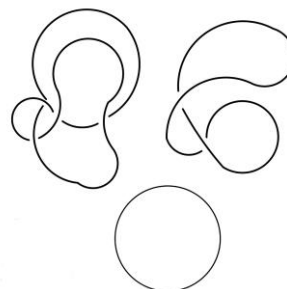


Figura 3. Diagrammi equivalenti

il numero e la posizione relativa degli incroci) permettono di passare da un diagramma ad un diagramma equivalente. Il let-

tore interessato ad approfondire questo aspetto è rinviato all'interessante [B.4].

Anche senza bisogno di fare riferimento alla bibliografia non è difficile comprendere che il diagramma di Figura 2 è topologicamente equivalente a ciascuno dei diagrammi della sequenza di Figura 3 ottenuti applicando delle mosse di Reidemeister.

Da questo possiamo concludere che il nodo mezzo windsor è topologicamente equivalente a un nodo banale. In effetti se con una cravatta eseguiamo il nodo, uniamo punta della pala e del codino e poi cerchiamo di sbrogliarlo è facile vedere che con pochi tentativi si ottiene effettivamente una circonferenza. In modo alquanto sorprendente il più semplice tiro a quattro è topologicamente equivalente a un nodo a trifoglio. Dunque alla semplicità combinatoria di un nodo non corrisponde necessariamente una semplicità topologica. La classificazione combinatoria è in ogni caso utile per poter classificare i nodi di cravatta da un punto di vista topologico. Anche in questo caso, per approfondire la questione, il lettore è rinviato a [B.2] un lavoro ineludibile per i matematici di buon gusto!

Riferimenti bibliografici: [B.1] A. Centomo, *Frammenti di matematica elegante*, Edizioni Youcanprint, Lecce, 2017. [B.2] T. Fink Y. Mao, *Tie knots, Random walks and topology*, Physica A 276: 109-121, 2000. [B.3] D. Schattsneider, *Visioni della Simmetria. I disegni periodici di M.C. Escher*, Editore Zanichelli, Bologna, 1992. [B.4] A. Sossinski, *Nodi*, Edizioni Boringhieri, Torino, 2000.

[*] Liceo "F. Corradini" - Via Milano 1 - 36016 Thiene (VI)
email: andrea.centomo@istruzione.it

Deriva genetica: il ruolo del caso

di Luciano Corso

La variabilità biologica sulla Terra dipende da 4 fattori fondamentali. Essi sono: 1) *Mutazione*, 2) *Selezione*, 3) *Migrazione*, 4) *Deriva genetica*. La **mutazione** si manifesta quando accade un errore nella trasmissione del codice genetico da genitore a figlio. In questo caso il figlio avrà un codice genetico diverso dal genitore in qualche punto della sequenza. La variazione può essere vantaggiosa o svantaggiosa per il figlio. Se la trasmissione è senza errore, allora il figlio avrà lo stesso codice del genitore. La **selezione** è un fattore di variabilità importante perché un neonato se ha associata una variazione vantaggiosa nel suo DNA, allora avrà alta probabilità di arrivare alla maturità sessuale e di trasmettere i suoi caratteri ereditari alle generazioni future. Invece, se la variazione è svantaggiosa, allora il nuovo nato non riuscirà a trasmettere il suo codice genetico alle generazioni future, si estinguerà.

Il codice genetico può essere considerato una parola lunga n di un alfabeto molecolare costituito da sequenze di basi azotate del DNA. Si può simulare un errore di trasmissione pensando che un carattere di quell'alfabeto cambi improvvisamente per caso inducendo una sequenza diversa rispetto a quella trasmessa.

DARE ==> DIRE

In questo esempio tratto dalla lingua italiana, la parola "DARE" in una trasmissione di lettere cambia casualmente in "DIRE" modificando il significato della sequenza di lettere; è bastato che una "A" diventasse una "I". In matematica, una sequenza ordinata di caratteri di un alfabeto qualsiasi è detta "parola"; il concetto è indipendente dai significati della sequenza. Il codice genetico è una sequenza di acidi nucleici e quindi può essere considerato una parola di un alfabeto molecolare.

La selezione agisce sempre sulle variazioni svantaggiose, eliminandole a beneficio di quelle vantaggiose. La **migrazione** agisce sui caratteri di una popolazione biologica di individui apportando, in generale, modifiche genetiche alla popolazione che la riceve. Gli individui entranti modificano i caratteri genetici dei nuovi nati, che ereditano parte del patrimonio genetico antico e parte del patrimonio dei migranti.

La **deriva genetica** (*Genetic drift - Sewall Wright (1889-1998)*) è un altro e diverso metodo di variabilità del codice genetico di un gruppo di individui. In una popolazione di individui si possono notare sottogruppi genetici omogenei rispetto a certi alleli. Ogni sottogruppo ha la sua frequenza genetica n_i . Se la popolazione è numerosa, un distacco casuale da essa di un piccolo sottoinsieme di individui non comporta nelle frequenze genetiche alcuna modifica sostanziale (legge di Hardy-Weinberg) [B.1, B.2]. Se, però, la popolazione è poco numerosa e accade un distacco casuale di un sottoinsieme di quella popolazione, può succedere che il gruppo che si distacca subisca un orientamento genetico che porta gli individui del gruppo ad avere caratteri genetici con una frequenza decisamente diversa da quella della popolazione da cui proviene. Quando succede ciò, si parla di deriva genetica. Per meglio comprendere il fenomeno, facciamo una simulazione. Supponiamo di avere una popolazione di $N = 10$ individui di cui $C = 3$ sono resistenti a una certa patologia ($R =$ Resistenti) e $N - C = 7$ no ($S =$ Sensibili):

{R R R S S S S S S S}. (1)

La frequenza relativa dei 2 geni distinti portatori delle 2 proprietà "R" e "S" è: $p_R = 3/10$, $p_S = 7/10$. Un evento straordinario separa dalla popolazione $n = 5$ individui. Le cinque possibili che possono costituire il nuovo gruppo sono

$$\binom{10}{5} = \frac{10!}{5! \cdot 5!} = 252.$$

Il distacco avviene in blocco e quindi la variabile aleatoria $x =$ "il numero di R nei potenziali gruppi che si distaccano" ha una distribuzione di probabilità ipergeometrica con parametri $N = 10$, $C = 3$, $n = 5$:

$$Pr(x) = \begin{cases} \frac{\binom{3}{x} \cdot \binom{10-3}{5-x}}{\binom{10}{5}} & \{x|x \in \mathbf{N}, x \leq 3\} \\ 0 & \text{altrove} \end{cases} \quad (2)$$

In Tabella 1 sono riportate le cinque possibili con i modi di presentarsi, la cardinalità dei modi e le probabilità di apparizione. Il lettore verifichi applicando (2).

Tabella 1		
Cinque	Cardinalità	Probabilità
SSSSS	21	0,083333
SSSSR	105	0,416667
SSSRR	105	0,416667
SSRRR	21	0,083333
Totali	252	1

Si può subito notare che le frequenze relative f_R e f_S dei 2 attributi R e S nel sottogruppo, sono cambiate rispetto alle stesse frequenze p_R e p_S nella popolazione di origine. Quando $f_R - p_R$ e $f_S - p_S$ non sono significativamente diverse da zero, la deriva genetica non si fa sentire granché e il nuovo gruppo presenta orientamenti genetici simili a quelli della popolazione di origine. Se, invece, $f_R - p_R \neq 0$ e $f_S - p_S \neq 0$ in modo significativo, allora è in atto un processo che può indurre in breve una deriva genetica del nuovo gruppo. Osservando la Tabella 1 si può vedere che il caso SSSSS è già un distacco da deriva genetica con probabilità relativamente molto bassa di verificarsi: è sparita la modalità R; le generazioni successive possono figliare solo caratteri S. Se i gruppi che si distaccano sono SSSSR o SSSRR il percorso per avere una deriva genetica (decisa prevalenza di S o tutti S o decisa prevalenza di R o tutti R) è più lungo e più improbabile. Nel caso in cui si distacchi la cinquina SSRRR, la deriva genetica parte facilitata e raggiunge uno stato stabile in un certo numero di passi con una probabilità più alta dei due casi che la precedono.

Fissiamo l'attenzione proprio sulla cinquina SSRRR che, rispetto alla popolazione, presenta una situazione significativamente diversa dal punto di vista delle frequenze alleliche: $f_R \neq p_R$ e $f_S \neq p_S$. Ora, con una simulazione intendiamo far generare figli a questo gruppo allo scopo di osservare nel tempo l'andamento delle frequenze alleliche e verificare se si orientano verso uno stato stazionario. [Segue nel numero 236]