

Premio Asimov 2021

per l'editoria scientifica divulgativa



https://www.premio-asimov.it/

The screenshot shows the website for the 2021 edition of the Premio Asimov. The browser address bar shows the URL <https://www.premio-asimov.it/edizioni/edizione-2021/>. The website header includes the logo for the 2021 edition, a search bar, and a navigation menu with items like 'EDIZIONE 2021', 'COS'È', 'ALBO DEI VINCITORI', 'BIBLIOTECA', 'COMMISSIONE SCIENTIFICA', 'GRUPPO DI LAVORO', and 'PROMOTORI'. The main content area features the title 'SESTA EDIZIONE PREMIO ASIMOV' and the subtitle 'Per l'editoria scientifica divulgativa'. A key announcement states: 'SELEZIONATI I 5 LIBRI FINALISTI DELL'EDIZIONE 2021 DEL PREMIO COLLEGATI CON NOI PER LA DIRETTA STREAMING SUI CANALI DI SHARPER, VENERDÌ 27 NOVEMBRE PARTIRE DALLE 11:00'. A date counter shows '17 APRILE 2021' with a breakdown of 139 days, 14 hours, and 21 minutes remaining. At the bottom, there are buttons for 'COS'È' and 'COME PARTECIPARE'. A gear icon in the bottom left corner indicates a settings menu.

premio-asimov.it/edizioni/edizione-2021/

PREMIO ASIMOV
SESTA EDIZIONE
2021
PER L'EDITORIA SCIENTIFICA

EDIZIONE 2021
COS'È
ALBO DEI VINCITORI
BIBLIOTECA
COMMISSIONE SCIENTIFICA
GRUPPO DI LAVORO
PROMOTORI
DICONO DI NOI
NEWS

Cerca...

Home » Edizione 2021

SESTA EDIZIONE PREMIO ASIMOV

Per l'editoria scientifica divulgativa

SELEZIONATI I 5 LIBRI FINALISTI DELL'EDIZIONE 2021 DEL PREMIO

COLLEGATI CON NOI PER LA DIRETTA STREAMING SUI CANALI DI SHARPER, VENERDÌ 27 NOVEMBRE PARTIRE DALLE 11:00

La giornalista e matematica **Roberta Fulci** intervisterà i cinque autori finalisti della sesta edizione. In rappresentanza del Premio porteranno i saluti Claudia Cecchi, Matteo Tuveri, Carla Distefano e Francesco Vissani.

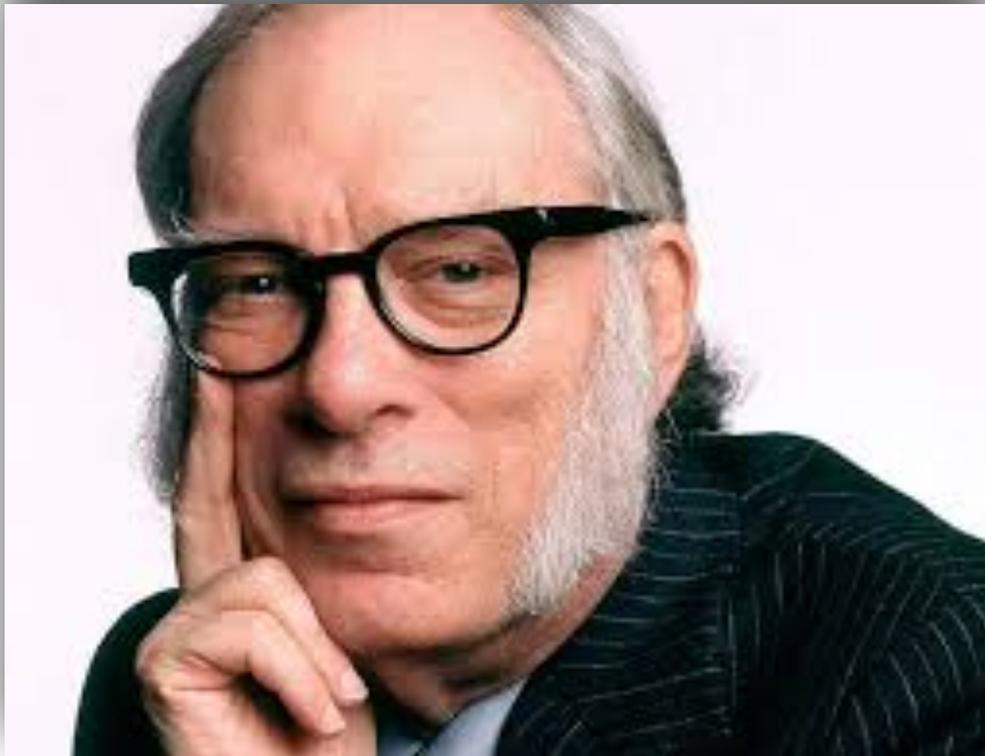
Per seguire l'evento consultate i seguenti link:
Pagina dedicata alla maratona che conterrà la diretta di ASIMOV: <https://maratona.sharper-night.it/>

17 APRILE 2021

139 GIORNI	14 ORE	21 MINUTI
---------------	-----------	--------------

COS'È

COME PARTECIPARE



The most exciting phrase to hear in science,
the one that heralds new discoveries,

is not 'Eureka!'

but

'That's funny...'

Isaac Asimov



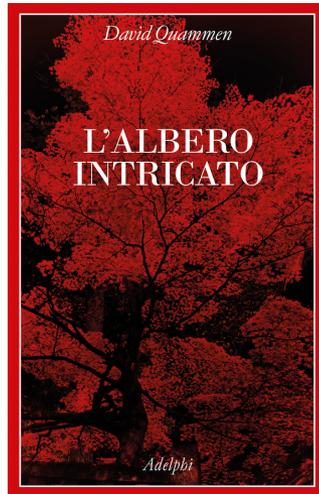
Isaac Asimov
1920-1992

I libri in concorso quest'anno

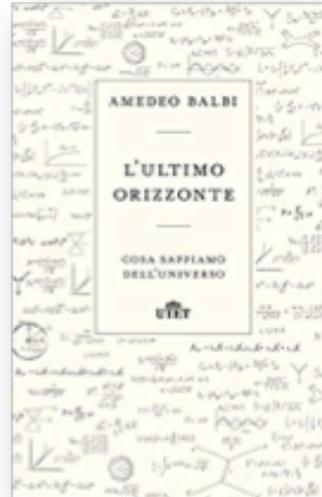
(nelle pagine finali li vedremo uno per uno...)



Astrofisica
Biologia
Storia della
scienza
Filosofia della
scienza



Biologia
Storia della
scienza



Astrofisica



Tecnologia e
informatica
...



Biologia
Robotica
“biomimetica”

Scadenze

Per le iscrizioni: **7 febbraio 2021**

Per l'invio della recensione: **13 marzo 2021**

Cerimonia conclusiva: **17 aprile 2020**

Viaggio premio: **autunno 2021???**

Cosa si vince?

- Onore e gloria (10 studenti per regione)
- Un viaggio premio (forse...)



Cittadella Universitaria
19 aprile 2018



Catania, Laboratori del SUD
18-18 ottobre 2019

Come funziona?

1. Ogni studente iscritto sceglie uno dei cinque libri selezionati
2. Scrive una (bella e originale) recensione
3. La invia sul sito del Premio
4. Viene valutato dai membri del comitato scientifico di un'altra regione o più
5. Guadagna 30 ore di PCTO e può vincere!

Per ognuno dei 5 libri:

2 studenti per regione = 10 studenti per regione

COME ISCRIVERSI:

1.

I **docenti** (tutor PCTO o altri) che vogliono far partecipare i propri studenti devono iscriversi a

<https://asimov.ca.infn.it/regdocente>

Dopo la richiesta di iscrizione verranno “autorizzati” dalla referente di istituto.

2.

Gli studenti devono iscriversi seguendo le istruzioni descritte qui:

<https://www.premio-asimov.it/come-partecipare/>

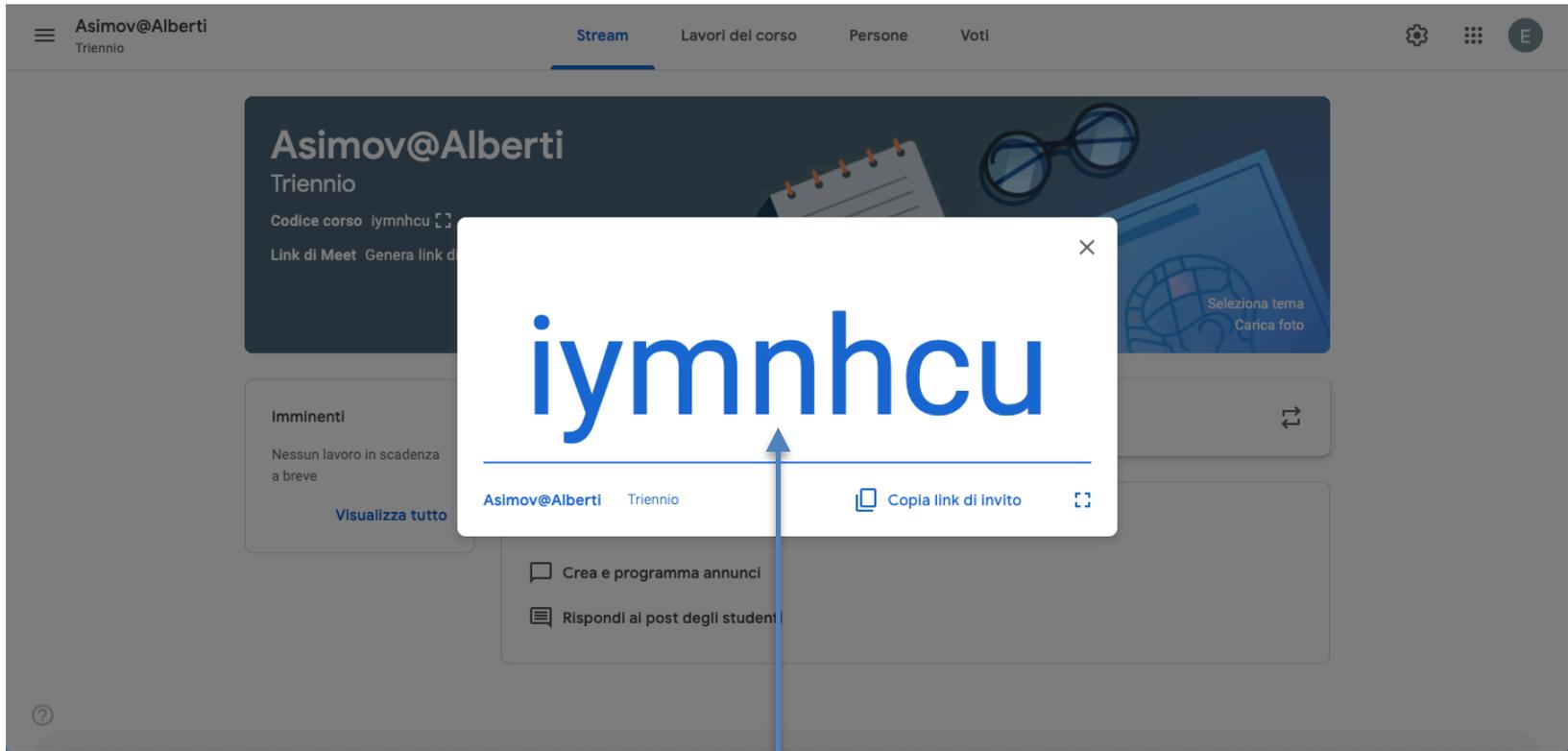
È necessario scegliere il proprio professore di riferimento tra quelli in elenco.

Il professore scelto dovrà a sua volta autorizzare lo studente.

Senza l'autorizzazione del professore lo studente non potrà accedere alla piattaforma e scrivere la sua recensione.

3.

Iscrizione alla Classroom Asimov@Alberti



Codice da inserire nella richiesta di iscrizione al corso

Le recensioni: un testo con vincoli

Libro recensito _____

Chiarezza Espositiva (voto da 1 a 10) _____

Capacità di coinvolgere il lettore (voto da 1 a 10) _____

Attualità del tema (voto da 1 a 10) _____

Originalità (voto da 1 a 10) _____

Valutazione complessiva (voto da 1 a 10) _____

Recensione del libro

Max 3500 caratteri, spazi inclusi. Il formato della recensione è libero. È tuttavia consigliato:

- che sia utile a chi la legge, e che adotti un linguaggio adeguato a una recensione
- che la recensione sia coerente con i punteggi numerici espressi.

2500-3500 battute

SENZA COPIARE!!
(Attenzione! Vengono fatti controlli con potenti software anti plagio!! Chi copia non ha diritto alle 30 ore di PCTO!!)

PCTO = Percorsi per le competenze trasversali e per l'orientamento (EX ALTERNANZA SCUOLA-LAVORO)

Ad ogni studente verranno riconosciute 30 ore per le attività di lettura, la stesura di una recensione **ORIGINALE**, la preparazione delle scheda di valutazione, ed eventuali ma auspicabili discussioni con gli altri partecipanti e gli insegnanti.



Cosa fa il Liceo «Alberti»

Iscrizione di docenti e studenti;
Supervisione attraverso la Classroom Asimov@Alberti

Gennaio 2020:

- Formazione sulla scrittura di recensioni: Materiale sulla *Classroom*
- Discussioni guidate sui libri scelti coi propri docenti o possibili Meet trasversali

Febbraio-marzo 2020:

- Incontro con un giornalista scientifico (solo i nuovi partecipanti)
- Scrittura della propria recensione (e sua revisione)

13 marzo 2020: limite per sottomissione delle recensioni alla piattaforma

NOVITA'!!!

L'Associazione librai italiani ha realizzato un ciclo di incontri con gli autori di quest'anno:

30 novembre ore 18:30 Amedeo Balbi con Manuela Cherubini

2 dicembre ore 18:45 Barbara Mazzolai con Giorgio Sestili

4 dicembre ore 18:30 David Quammen con Martina Patone

9 dicembre ore 18:30 Gianfranco Pacchioni con Monica Murano e Valeria Persichetti

11 dicembre ore 18:30 Telmo Pievani con Monica Murano

In differita:

<https://youtu.be/lAC08FqGIME>

I link per i prossimi due incontri del 2 e 4 dicembre:

<https://www.youtube.com/c/PremioAsimov>



Libri in concorso...

Breve quadro riassuntivo, scansione di un paio di pagine e link
alla pagina dell'editore



Telmo Pievani, *Imperfezione. Una storia naturale*,
Raffaello Cortina, 2019, pp. 198

Imperfezione
dola in modelli di spiegazione attendibili. Il dato grezzo dei bioinformatici va tradotto in conoscenza, va posto in un contesto interpretativo corretto. Un contesto evolutivistico.

La replica di Graur e colleghi si chiudeva con un po' di veleno sulla coda. A forza di cercare funzioni dove non ci sono, si finisce per passare dalle funzioni all'idea di una finalità, di un progetto:

Esortiamo i biologi a non avere paura del *Junk DNA*. Gli unici che dovrebbero averne paura sono quelli che sostengono che i processi naturali non sono sufficienti a spiegare la vita e che la teoria dell'evoluzione dovrebbe essere integrata o soppiantata da un progettista intelligente. Il messaggio finale di ENCODE, secondo cui ogni cosa ha una funzione, implica uno scopo, e lo scopo è l'unica cosa che l'evoluzione non può fornire.

Comunque la si pensi sul *Junk DNA*, c'è il peso dell'ignoranza generativa, di tutto ciò che ancora non sappiamo e che produce nuove domande di ricerca. Il mondo dei trascritti genici, in particolare, sta rivelando una ricchezza straordinaria in cui è ancora difficile orientarsi. Come alla fine ha ammesso lo stesso coordinatore di ENCODE a Cambridge, Ewan Birney, quello a cui somiglia il genoma è un'autentica giungla, una foresta fitta, una muraglia di elementi attraverso la quale bisogna aprirsi il passaggio. Cerchi di squarciare la via per raggiungere una certa posizione e non sei veramente sicuro di dove sei. È abbastanza facile sentirsi perduti

L'impronta dell'inutilità nel DNA
li dentro. Dal *Junk DNA* al *Jungle DNA*. Il nostro genoma è barocco.

La legge della cipolla

Tutto sommato, la notizia riguardante la morte del *Junk DNA* potrebbe allora essere alquanto esagerata, o se non altro prematura. Dati ulteriori lo confermano. Come spiegare, per esempio, il fatto che la cipolla ha un genoma cinque volte più grande di quello di un essere umano? Difficile ammettere che la pur dignitosa cipolla sia cinque volte più complessa di noi. Più semplice rimarcare che nei vegetali l'evoluzione passa spesso per speciazioni, cioè nascite di nuove specie, che avvengono attraverso l'ibridazione e la conseguente fusione dei genomi di due o più specie parentali. Con il risultato di ingigantire e appesantire oltremodo il proprio DNA, come nel caso del grano tenero che ha un numero triplo di cromosomi essendo l'esito delle spericolate fusioni tra piante erbacee sperimentate dai primi agricoltori nella Mezzaluna Fertile. Un mostruoso gigante genetico, che poi è il nostro pane quotidiano.

Come ha sostenuto il genetista Timothy Ryan Gregory, il test della cipolla è un semplice bagno di realtà per tutti coloro che pensano di poter assegnare una funzione a ogni nucleotide nel genoma umano. Tra organismi di complessità simile, le dimensioni del genoma possono variare moltissimo. L'evoluzione avviene sempre a più livelli interconnessi. Come nel caso del microbiota intestinale, possiamo immaginare che anche la giungla del DNA sia



David Quammen, *L'albero intricato*, Adelphi, 2020, pp.500 ca.

assieme a colleghi della Johns Hopkins University e di altre università, pubblicarono il primo genoma completo di un organismo non parassitario né simbiotico (cioè, un po' più grande e più complesso di un virus). Si trattava del batterio *Haemophilus influenzae*, lo stesso che vedi a Porton Down in un ceppo coltivato da un campione prelevato dal naso di Alexander Fleming. Venter e il suo gruppo constatarono che quel genoma era lungo 1.830.137 lettere e, entro i limiti consentiti dal loro metodo, identificarono tutte le lettere. La loro relazione ebbe la copertina di « Science ».

Un altro grande evento avvenne nel successivo mese di aprile, quando un'altra équipe annunciò di aver decifrato il genoma del lievito di birra (*Saccharomyces cerevisiae*). A voi o a me potrà sembrare un organismo poco eccitante – non ha il carisma della megafauna –, ma è un eucariote e prima di allora non era mai stato sequenziato il genoma intero di un eucariote. Il genoma del lievito di birra era quindi più prossimo al genoma umano di qualunque altra sequenza genomica completa prodotta. Era anche un po' più grande del genoma batterico medio. Queste distinzioni, sommate all'atmosfera di nervosismo generata dalla corsa al genoma umano, con la banda di Venter in una corsa e il Consorzio in un'altra, possono spiegare perché questa terza squadra, formata da un esteso gruppo internazionale, facesse il suo annuncio tramite un comunicato stampa molto tempo prima che la notizia apparisse su una rivista scientifica. Ehi, guardate qua, ce l'abbiamo fatta con un eucariote! E molto presto pubblicheremo i dettagli. Il ritmo delle scoperte e il fervore della competizione stavano aumentando.

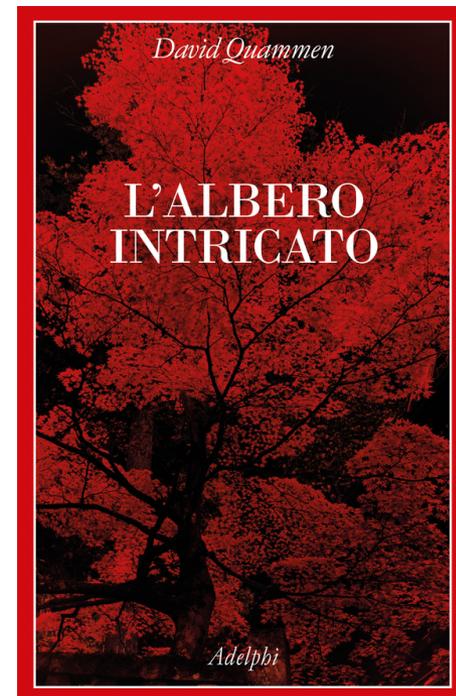
Appena quattro mesi dopo, nell'agosto del 1996, Venter e un nutrito gruppo di collaboratori catturarono di nuovo l'attenzione, pubblicando il primo genoma completo di un membro degli *Archaea*, il terzo dei tre domini di Carl Woese. Si trattava di *Methanococcus jannaschii*, un microbo amante delle alte temperature che produce metano, isolato per la prima volta da un campione di sedimento prelevato sul fondo dell'Oceano Pacifico. Quel campione era stato raccolto da un sommergibile robot che perlustrava il fondale marino in prossimità di una bocca idrotermale a circa due-

milaseicento metri di profondità, vicino alla dorsale del Pacifico orientale. Come la maggior parte degli archei conosciuti a quel tempo, era una piccola, strana creatura che abita in un ambiente estremo. Lo stesso Woese figurava in veste di coautore senior onorario (penultimo in una lista di quaranta nomi, subito prima di Venter) nell'articolo che annunciava quella conquista, ancora una volta su « Science »: era stato lui a convincere Venter a imbarcarsi in quel lavoro. Tra i coautori c'era anche Gary Olsen, uno dei suoi giovani e intraprendenti collaboratori a Urbana, ma per il resto era quasi tutta gente del TIGR. Probabilmente fu causa di amarezza per Woese il fatto che il primo genoma di un archeo fosse stato trovato dall'istituto di Venter, e non dal suo piccolo laboratorio con la ABI 370A che non funzionava.

Il genoma di *M. jannaschii* consisteva di 1.739.933 lettere, comprendenti 1738 sezioni che sembravano essere geni. Di quei geni, più della metà erano totalmente sconosciuti alla scienza, senza alcun equivalente in nessun'altra forma di vita. Quel grado di unicità confermava decisamente ciò che Woese andava dicendo fin dal 1977 e che alcuni scienziati retrogradi avevano contrastato, e cioè che gli archei erano una forma di vita separata. Ormai il vecchio paradigma dei due regni era « andato in frantumi » disse un eminente microbiologo al quale « Science » aveva chiesto un commento sulla notizia. « È ora di riscrivere i libri di testo ».³

Ford Doolittle era d'accordo. « Adesso la serie di base è completa » dichiarò a « Science », intendendo la triade formata dalle sequenze genomiche complete di un batterio, un eucariote e un archeo, « e questo avrà di sicuro un impatto significativo ».⁴

Un impatto fu il colpo che contribuì ad assestare, come la lama di una scure, all'idea stessa dell'albero, e in particolare modo all'albero così come lo aveva disegnato Carl Woese, nel quale l'RNA ribosomiale avrebbe dovuto fornire la prova definitiva di un'evoluzione esclusivamente divergente. Il sequenziamento dell'intero genoma di quel primo batterio, poi di quel primo archeo, poi di altri organismi rivelò sempre più casi di trasferimento genico oriz-



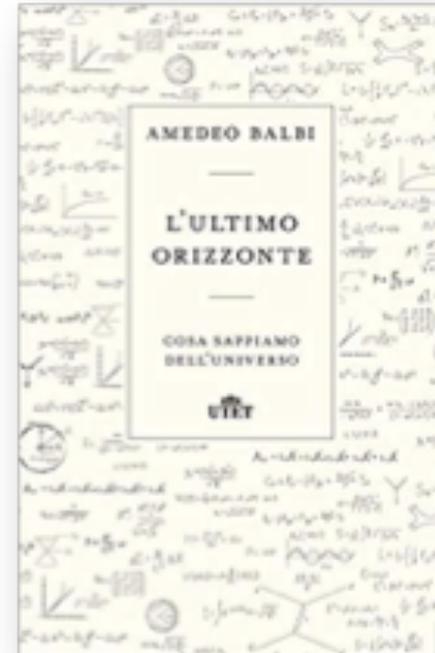
Amedeo Balbi, *L'ultimo orizzonte. Cosa sappiamo dell'universo*, UTET, 2019, pp. 210 ca.

Prologo

Esistono limiti a ciò che possiamo conoscere sull'universo? E se esistono, li abbiamo già raggiunti? Sono domande su cui vale la pena riflettere, soprattutto quando ci sembra che le strade che stavamo percorrendo ci abbiano portato lontano dalla meta, o di fronte a ostacoli apparentemente insormontabili. Nel farlo, dobbiamo tenere presente che più volte, nella storia della scienza, si è caduti nei due estremi del "Non potremo saperlo mai" o del "Sappiamo già tutto quello che c'è da sapere".

Due sono i casi da manuale citati, solitamente, a questo proposito. Il primo è quello del filosofo Auguste Comte, il quale nel 1835 affermò in modo piuttosto impegnativo che «riguardo agli astri [...] possiamo determinare le loro forme, le loro distanze, le loro dimensioni e i loro movimenti, ma non sapremo mai studiare in alcun modo la loro composizione chimica». Solo pochi decenni più tardi, il fisico Gustav Kirchhoff identificò per la prima volta, attraverso la spettroscopia, le linee degli elementi chimici nella luce solare, smentendo clamorosamente Comte e aprendo la strada non soltanto allo studio della composizione delle stelle ma a un'infinità di altre scoperte (tra cui quella dell'espansione dell'universo).

Il secondo caso è quello del fisico Albert Michelson che, a cavallo tra XIX e XX secolo, dichiarò a più riprese che ormai avevamo capito più o meno tutto: «La maggior parte dei grandi principi di base sono stati stabiliti fermamente, e ulteriori



Gianfranco Pacchioni, *L'ultimo sapiens. Viaggio al termine della nostra specie*,
Il Mulino, 2019, pp. 216

AA

Capitolo primo

**Come eravamo ovvero Breve storia
degli ultimi 10.000 anni**

C'era una volta «Homo sapiens»

Se state leggendo questo libro è perché fate parte di quell'insieme di esseri viventi che appartengono alla specie *sapiens*, l'unica rimasta del genere *Homo*. Questo significa anche che fate (facciamo...) parte della grande sottofamiglia degli ominini, e, che piaccia o meno, dell'ordine dei primati. Se però così non fosse vuol dire che il libro è caduto in mani in cui non era previsto finisse.

Non è mia intenzione ripercorrere qui la storia dei circa sei milioni di anni che hanno portato, non senza traversie e drammi inimmaginabili, a vedere la nostra specie prima comparire e poi dominare il mondo in cui viviamo, sino a divenire la sola specie sopravvissuta del suo genere. È bene dire subito che non si tratta di una questione irrilevante. Se siamo



GIANFRANCO PACCHIONI

L'ULTIMO SAPIENS

Viaggio al termine della nostra specie

Prefazione di Telmo Pievani

il Mulino

Barbara Mazzolai, *La natura geniale. Come e perché le piante cambieranno (e saleranno) il pianeta*, Longanesi, 2020, pp. 190

108

to in funzione del contesto e dell'ambiente circostante. Quindi adattamento e comportamento flessibile alle situazioni nuove o complesse sembrano essere criteri fondamentali nello sviluppo dell'intelligenza. Possiamo, allora, definire una pianta intelligente?

Una pianta è un essere vivente in grado di adattarsi all'ambiente circostante anche in condizioni estreme – ad esempio, dopo un incendio – e di interagire con gli altri organismi che lo abitano. Traete voi le conclusioni sulla base della precedente definizione di intelligenza.

Ma se le piante sono intelligenti e in grado di adattarsi all'ambiente circostante, può un robot aiutarci a comprendere meglio le caratteristiche che le rendono tali? Questa è la sfida che ci siamo posti quando abbiamo iniziato a lavorare sui plantoidi, ed è ciò che proverò a raccontare nei prossimi capitoli.

8

Belle senz'anima

Abbiamo visto come la robotica bioispirata si proponga di studiare alcune proprietà degli esseri viventi, soprattutto animali, per riprodurle in macchine autonome che riescano a operare con efficacia in ambienti naturali. È pensabile realizzare un robot che si muova, percepisca l'ambiente, comunichi con altri organismi e prenda decisioni sulle direzioni di crescita, ispirandosi alla biologia delle piante?

Oggi posso rispondere che sì, è possibile, ma l'inizio del percorso che mi ha condotta fin qui non è stato scevro di pregiudizi e difficoltà.

Le prime volte in cui mi sono trovata a presentare l'idea del plantoide alla comunità scientifica internazionale, a partire dal 2008, durante incontri o conferenze, riscontravo una reazione a dir poco tiepida nella platea che mi ascoltava parlare di sistemi artificiali per l'esplorazione del suolo ispirati alle caratteristiche delle piante. Una delle domande più frequenti che mi venivano rivolte era: «Perché proprio le piante? Esistono animali che esplorano il suolo in maniera molto efficiente, come le talpe o i lombrichi». Altri obiettavano seccamente che un robot, per risultare utile, deve potersi muovere e percepire l'ambiente: cose che le piante non sono in grado di fare.

Incontrai lo stesso muro di pregiudizio anche quando,



<https://www.youtube.com/watch?v=hBTNwi6GAm4>