

Principi di rilevazione della tecnologia di mappatura epigenetica di Cell Wellbeing

Interpretazione degli indici dei report di Cell Wellbeing in relazione all'ottimizzazione dell'espressione genica

Preambolo:

L'epigenetica è lo studio dell'espressione genica sotto l'influsso di segnali informativi provenienti dal micro e dal macro ambiente, dove il fenotipo cambia e il genotipo resta lo stesso per via della metilazione degli istoni e della cromatina.

Nel 2000 si è concluso il progetto Genoma Umano, poi finalizzato nel 2003 per essere condiviso con gli scienziati di tutto il mondo. Le rivelazioni e le scoperte fatte evidenziavano come l'intero genoma umano fosse composto da appena 25.000 geni, benché gli scienziati coinvolti si aspettassero dei numeri nell'ordine di centinaia di migliaia. Le scoperte imponevano una domanda: "Com'è possibile che il corpo umano sia composto da oltre 100.000 proteine globulari e strutturali e ci siano solo 25.000 geni a codificarle?" L'unica risposta è che i fenotipi sono regolati da qualcos'altro oltre il genoma: l'epigenetica.

La teoria dell'epigenetica moderna è stata proposta dal biologo americano, il professor C. David Allis. L'epigenetica agisce mediante l'espressione del fenotipo senza l'interferenza del genotipo. I meccanismi biochimici che sono stati illustrati per spiegare in che modo il DNA non codificante riesce a esprimere e silenziare i geni sono:

1. **RNAi** – l'espressione di silenziamento genico siRNA in modo sequenza-specifico mediante l'ibridizzazione con regioni complementari nel mRNA.
2. **Rimodellamento della cromatina** – l'acetilazione e deacetilazione di istoni è il tipo di rimodellamento della cromatina più semplice.
3. **Metilazione del DNA** – Processo biologico di legame di un gruppo metile alla regione promotrice del gene. Riconosciuto come il meccanismo epigenetico principale implicato nel silenziamento dell'espressione genica.

L'epigenetica, come viene chiamata questa scienza, veniva inizialmente indicata con il nome di "lamarckismo" da Jean-Pierre Lamarck (1744-1829), uno dei primi evolvuzionisti. Lamarck postulò che le forme di vita potessero acquisire "informazioni" dal loro ambiente e trasmetterle ai loro geni. Anni dopo, Erwin Schrödinger (1887-1961) applicò il modello teorico di fisica quantistica al campo della biologia molecolare, gettando le basi per quella che oggi conosciamo come epigenetica. Erwin Schrödinger riteneva che esistesse una sorta di "script del codice" nel gene, e credeva anche nella persistenza dei caratteri genetici ereditari. All'epoca, si riteneva che il DNA consistesse in una serie di informazioni che in qualche modo venivano codificate nella proteina, dandole la possibilità di auto-organizzarsi. Questa innovazione interdisciplinare aprì le porte alla biologia molecolare e portò direttamente alla scoperta della struttura a doppia elica del DNA alcuni anni dopo. A quel punto si riteneva che Schrödinger si riferisse alla capacità dei geni di produrre proteine specifiche, mentre è più probabile che si stesse riferendo all'organizzazione di queste proteine nella complessità biologica attraverso influenze esterne, introducendo il lamarckismo nell'equazione. All'epoca si pensava che la biologia non potesse essere ulteriormente studiata a microscopio per analizzare il mondo microcosmico. Erwin Schrödinger immaginò che l'atomo fosse l'organismo più piccolo e diede il via alla fisica teoretica e ai principi di meccanica quantistica e dei campi quantistici.

Dopo Erwin Schrödinger, il direttore della ricerca, il professor Rupert Sheldrake, che aveva lavorato al laboratorio di biochimica e citobiologia del Clare College presso l'Università di Cambridge, sviluppò e propose la teoria di Sheldrake ("la teoria della risonanza e dei campi morfici" di Sheldrake), in cui avanzava il concetto di campi morfici e risonanza come campi organizzativi della natura e della materia. I campi morfici interagiscono tra loro attraverso il processo di quella che definiamo risonanza morfica. I campi sono strutture invisibili nello spazio e, negli anni '40 del 1800, Michael Faraday propose che tali campi fossero composti di materia sottile, come l'etere.

Tra il 1860 e il 1870, James Maxwell dimostrò che la luce era una vibrazione elettromagnetica nel campo elettromagnetico. Questa divenne la base della tecnologia elettronica. Nel 1905 Albert Einstein, mentre sviluppava la sua teoria della relatività, confutò il concetto di etere affermando che i campi sono solo campi. Sono composti di energia e sono quindi essenziali in natura. La materia è fatta di campi ma i campi non sono fatti di materia. Nel 1927 Einstein dimostrò con la sua teoria della relatività che il campo di gravitazione universale è un campo che tiene insieme l'intero universo.

In teoria quantistica, oggi parliamo dei campi quantistici come del campo di energia quantistica e del campo di informazioni biologiche.

Recentemente Bruce Lipton, il biologo pioniere nella ricerca sulle staminali e massimo esperto di epigenetica, ha portato la conoscenza scientifica sul ruolo dell'ambiente (micro e macro) nell'espressione genica a nuovi livelli. Ha pubblicato studi rivoluzionari sulla membrana cellulare che hanno rivelato come questo strato esterno della cellula sia l'omologo organico di un chip, l'equivalente cellulare di un cervello. Le sue ricerche condotte tra il 1987 e il 1992 nella Facoltà di Medicina di Stanford hanno rivelato che l'ambiente, agendo attraverso la membrana, controlla il comportamento e la fisiologia della cellula, accendendo e spegnendo i geni. Le sue scoperte, che andavano controcorrente rispetto alla posizione ufficiale della scienza secondo cui la vita è controllata dai geni, hanno permesso di sviluppare uno dei settori di studio oggi più importanti, la scienza dell'epigenetica.

Tecnologia:

Lo sviluppo delle tecnologie moderne, in particolare lo sviluppo di tecniche di osservazione quantistica, di tecnologia dello spettro molecolare e di biotecnologia, hanno aperto la strada alla ricerca nel campo della biologia moderna (campo delle informazioni biologiche) e dell'epigenetica quantistica. Oggi gli scienziati sono in grado di rilevare informazioni nel campo biologico usando la tecnologia. Il termine "campo biologico" descrive l'ambiente vivente usato da organismi viventi (inclusi organismi monomeri e polimeri) attraverso l'uso del metodo di meccanica quantistica, che comprende il campo biologico vegetale e quello animale. Il campo biologico ha un impatto enorme sulle sostanze biologiche sia nell'energia che nella materia. Può inoltre controllare l'espressione genica e quindi la sintesi proteica. Attualmente, nel campo della biologia genetica, il termine generico per indicare l'impatto globale della sintesi proteica è "epigenetica" o un fattore che "controlla il modo in cui i geni possono esprimersi fisicamente o esprimere il loro fenotipo". Per molto tempo, gli studi sulla relazione tra il campo delle informazioni biologiche, l'epigenetica e la salute non sono riusciti a fare progressi significativi. Questo fino a quando la comparsa di internet e la maturazione della tecnologia dei big data non hanno permesso alle grandi aziende di condurre dei calcoli su dati di massa attraverso la trasmissione digitale di dati campione, trovando così la relazione tra epigenetica quantistica e la materia, l'energia e la vita.

I programmi di Cell Wellbeing collegano i dati con e attraverso il sistema S-Drive, sviluppato appositamente a partire dalle basi teoriche della moderna biologia, fisica quantistica ed epigenetica.

I programmi di Cell Wellbeing e il sistema S-Drive mappano i campi di informazioni biologiche. Sono stati pensati per fornire informazioni sulla rilevanza di fattori epigenetici chiave nella prospettiva in vivo dell'intero organismo in relazione con il benessere generale. Questa mappatura epigenetica differisce dai test condotti su campioni esterni del corpo (in vitro e compartimentalizzati) come sangue, urine ecc., utilizzati per la diagnosi di sintomi e malattie. L'uso della mappatura epigenetica riflette l'intero sistema spesso prima che si manifestino dei sintomi, ed è il motivo per cui l'epigenetica è particolarmente adatta per la prevenzione piuttosto che per la diagnosi o la cura di qualsivoglia malattia fisiopatologica.

Il sistema S-Drive consente la decodifica e la raccolta dati di informazioni rilevanti presenti nelle onde caratteristiche endemiche dei follicoli attraverso l'uso di una bobina di spettro e di una programmazione che consente di mappare gli indicatori nutrizionali e ambientali per l'ottimizzazione fisica.

La bobina di spettro di S-Drive include un sensore di rilevazione d'onda longitudinale e una circuiteria di conversione delle informazioni.

Le bobine di spettro di frequenza si trovano al centro di S-Drive. Attraverso le loro speciali caratteristiche geometriche ed elettromagnetiche, il campo magnetico e il campo elettrico si compensano nel campo indotto delle bobine di spettro di frequenza. Si genera così un “campo scalare”, anche detto “onda armonica longitudinale”.

Quando collochiamo quattro capelli con i follicoli intatti sulla bobina di spettro di frequenza di S-Drive, il campo biologico del follicolo disturberà il campo elettromagnetico di induzione delle bobine attraverso la risonanza, innescando così delle alterazioni nel “campo scalare”. Tali alterazioni nel “campo scalare” vengono inviate di nuovo al modulo di rilevazione del programma S-Driver per la digitalizzazione. In questo modo, possiamo raccogliere i dettagli delle informazioni biologiche presenti nei campioni del “campo biologico”. Le informazioni biologiche sono convertite in informazioni del campo biologico digitale attraverso il circuito di elaborazione delle informazioni S-Driver incluso nel programma di Cell Wellbeing prima che i dati vengano trasferiti in Germania per la mappatura.

L’operatore di S-Drive utilizza il software di Cell Wellbeing e le procedure operative del terminale per inserire il nome, l’età, il sesso e l’indirizzo del soggetto. Queste informazioni criptate vengono codificate e impacchettate insieme alle informazioni digitali del campo biologico raccolte da S-Drive per formare il pacchetto dati di informazioni personali di rilevazione (chiamate “informazioni caratteristiche” nel sistema) ed effettuare la codifica del pacchetto. La procedura operativa del terminale caricherà le informazioni personali di rilevazione criptate sotto forma di pacchetto dati sul sistema cloud di mappatura intelligente ubicato in Germania.

Il sistema di mappatura intelligente basato su cloud di Cell Wellbeing consiste in due parti: una è il modello per la procedura di calcolo delle informazioni biologiche e l’altra è il database delle caratteristiche basiche dei campioni biologici, che include le informazioni biologiche di animali (incluso l’uomo) e piante della maggior parte delle regioni del mondo. Una volta che il sistema di mappatura intelligente riceve il pacchetto dati di informazioni personali caricato dal terminale, cifrerà i dati per poi decodificare e calcolare le complesse informazioni biologiche. Durante i calcoli, il sistema associa le informazioni di nome, sesso, età e regione di provenienza degli oggetti testati e genera infine i dati e il report di rilevanza individuale. Il report generato viene rispedito alla procedura operativa del terminale e attraverso quest’ultima è inviato alla casella email del cliente.

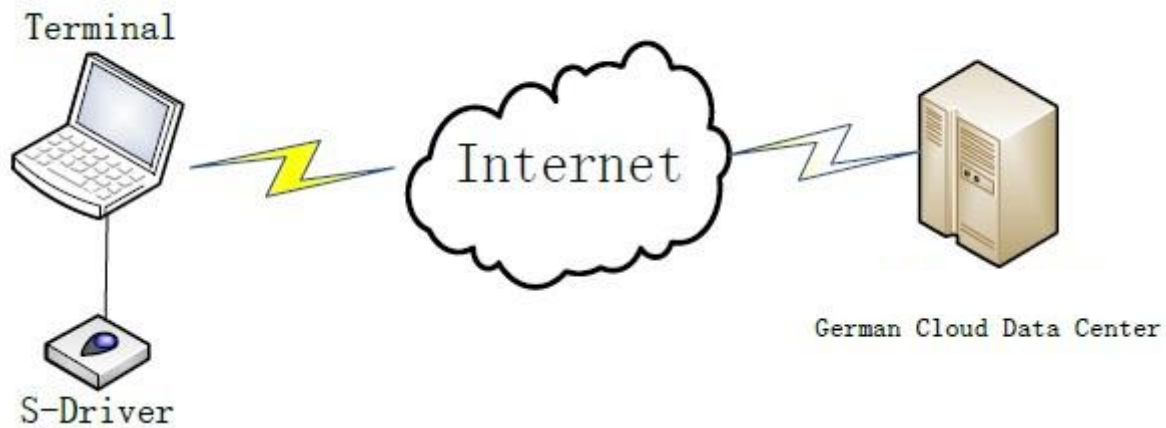
Nel report finalizzato, l’indice di rilevanza dei calcoli indicherà l’importanza di ogni voce specifica nella sezione complessiva. All’interno della stessa sezione, ogni indice correlato rappresenterà una percentuale della rilevanza globale dell’indicatore per una sezione equilibrata. La somma di tutti gli indici sarà il 100% della sezione. Ciò significa che i grafici a torta e le tabelle nel report non sono valori assoluti ma indicano l’impatto o la rilevanza di ciascuna voce di una sezione necessaria per equilibrare la sezione.

Ogni report contiene suggerimenti nutrizionali sugli indici squilibrati secondo l’impatto di ogni indice di benessere mappato e guida il soggetto al raggiungimento dell’equilibrio ottimale attraverso l’alimentazione e l’assunzione di integratori alimentari, ottimizzando ulteriormente il benessere al fine di supportare uno stile di vita sano.

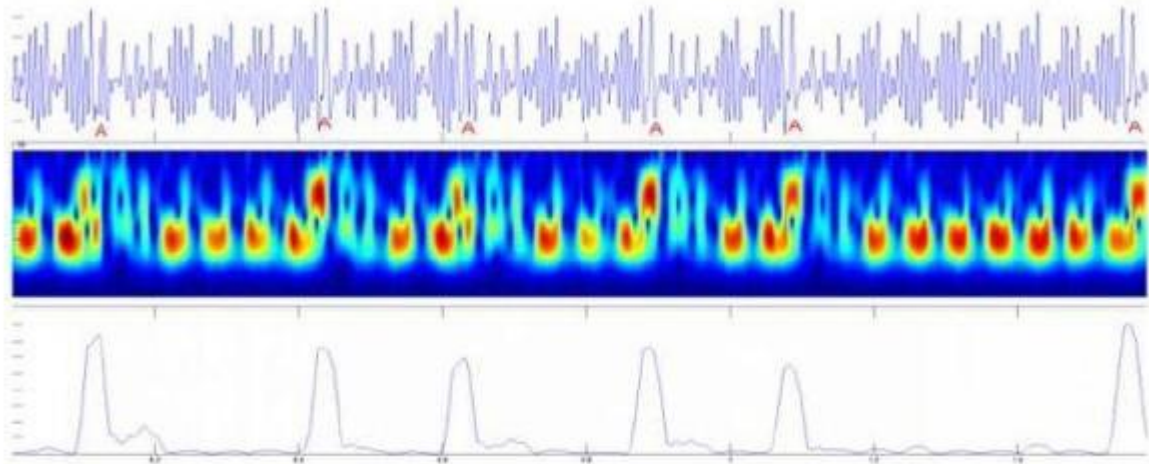
Il campo biologico è ampiamente presente nel nostro spazio e ambiente vivente. Le bobine di spettro di frequenza del rilevatore S-Drive sono meccanismi estremamente sensibili. Quando si colloca un campione di capello nella bobina di S-Drive, l’intensità del campo biologico del follicolo è piuttosto grande mentre l’intensità del campo biologico generale di altri ambienti è piuttosto bassa. Il sistema inibisce automaticamente l’interferenza del campo biologico di fondo. Quando si colloca un capello privo del suo follicolo nella bobina di S-Drive, questa rileva in modo preciso il campo biologico ambientale. La bobina di spettro di S-Drive agisce come un comune “microfono da gola”. Quando l’utente parla, il microfono può rilevare le onde sonore grazie all’intensità dell’ampio campo sonoro del parlante. Il microfono può sondare le onde sonore e automaticamente delimitare/silenziare il rumore di fondo.

Tuttavia, se l’utente non parla, il microfono cerca altre frequenze e onde di campo, come la risonanza del gas e il rumore ambientale, che risulteranno come un ronzio durante la registrazione. Il ronzio include i risultati rilevati causati da tutti i “campi ambientali nelle vicinanze”.

Architettura del sistema



Mappa dei rumori di fondo



Per informazioni : Epinutracell epinutracell@gmail.com

BIBLIOGRAFIA:

- 1 Avery O. T., MacLeod C. M., McCarty M. (1944). Studies on the chemical nature of the substance inducing transformation of pneumococcal types: induction of transformation by a desoxyribonucleic acid fraction isolated from pneumococcus type III. J. Exp. Med. 79, 137–158 [[PMC free article](#)] [[PubMed](#)]
- 2 Brink R. A. (1960). Paramutation and chromosome organization. Q. Rev. Biol. 35, 120–137 [[PubMed](#)]
- 3 Dronamraju K. R. (1999). Erwin Schrödinger and the origins of molecular biology. Genetics 153, 1071–1076 [[PMC free article](#)] [[PubMed](#)]
- 4 Jacob F., Monod J. (1961). Genetic regulatory mechanisms in the synthesis of proteins. J. Mol. Biol. 3, 318–356 [[PubMed](#)]
- 5 Jorgensen R. A. (2004). Restructuring the genome in response to adaptive challenge: McClintock's bold conjecture revisited. Cold Spring Harb. Symp. Quant. Biol. 69, 349–354 [[PubMed](#)]

-
- 6 Jorgensen R. A. (2010). Of genes and genomes: challenges for the twenty-first century. *Front. Plant Sci.* 1:1.10.3389/fpls.2010.00001 [[PMC free article](#)] [[PubMed](#)] [[Cross Ref](#)]
 - 7 McClintock B. (1978). Mechanisms that rapidly reorganize the genome. *Stadler Genet. Symp.* 10, 25
 - 8 Morgan T. H. (1934). *Embryology and Genetics*. New York: Columbia University Press, 234
 - 9 Pauling L. (1987). “Schrödinger's contribution to chemistry and biology,” in *Schrödinger: Centenary Celebration of a Polymath*, ed. Kilmister C. W., editor. (Cambridge: Cambridge University Press;), 225–233
 - 10 Schrödinger E. (1944). *What is Life?* Cambridge: Cambridge University Press
 - 11 Stadler E. J. (1954). The gene. *Science* 120, 811–819.10.1126/science.120.3125.811 [[PubMed](#)] [[Cross Ref](#)]
 - 12 Tautz D. (2000). A genetic uncertainty principle. *Trends Genet.* 16, 475–477.10.1016/S0168-9525(00)02118-1 [[PubMed](#)] [[Cross Ref](#)]
 - 13 Timofeeff-Ressovsky N. W., Zimmer K. G., Delbrück M. (1935). Ueber die Natur der Genmutation und der Genstruktur. *Nachr. Ges. Wiss. Goettingen, Fachgr. 6, N.F. 1, 13*, 190–245
 - 14 Morphic field: <http://www.sheldrake.org/>.
 15. Michael Faraday:
<http://www.encyclopedia.com/people/science-and-technology/physics-biographies/michael-faraday>
 16. James Maxwell:
<http://www.encyclopedia.com/science/science-magazines/physics-maxwells-equations-light-and-electromagnetic-spectrum>
 17. Dr Bruce Lipton: https://www.brucelipton.com/books/biology-of_belief for details of documentary of *Devotional Biology* by Bruce Lipton.