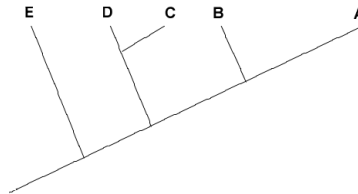


Cladistica e Clade

La **cladistica**, o tassonomia cladistica, (dal greco *klados* = ramo), è un metodo di classificazione dei viventi, messo a punto da Willi Hennig (1913-1976), che si basa sul grado di parentela ovvero sulla distanza nel tempo dell'ultimo progenitore comune. È nota anche come sistematica filogenetica.



Esempio di cladogramma

In base al metodo di classificazione cladistica animali e piante vengono disposti in gruppi tassonomici monofiletici - i cladi - comprendenti un antenato comune e tutti i suoi discendenti.

Le relazioni evolutive sono stabilite a partire dai caratteri condivisi, le **omologie**, presumendo che esse stiano ad indicare un antenato comune. Le strutture omologhe sono quelle che, in diversi organismi, hanno un'origine comune, anche se non necessariamente la stessa funzione. Ad esempio, i cladodi del *Ruscus aculeatus* L., il pungitopo, sono omologhi del fusto di una qualsiasi pianta erbacea o arborea, anche se hanno assunto la forma e la funzione di foglia (che sono praticamente assenti) e non hanno la funzione di fusto; i cladodi del pungitopo sono filogeneticamente dei fusti ma hanno una funzione diversa.

Le omologie si contrappongono alle **analogie** (o omoplasie). Due caratteri sono analoghi quando *non* hanno un'origine comune ma condividono la stessa funzione. Con lo stesso esempio, i cladodi del pungitopo sono analoghi alle foglie del peperone o di una qualsiasi altra pianta (assolvono alla stessa funzione), anche se evolutivamente sono due cose distinte.

Lo studio cladistico si basa sull'identificazione delle omologie presenti in un gruppo in studio.

Viene poi determinata la **polarità** di tali omologie, cioè si assume che gruppi di organismi di più recente parentela condividano caratteri omologhi *derivati*. Questi caratteri derivati si sono originati da una forma *ancestrale* di quei caratteri, presente prima delle diramazioni che hanno dato origine al gruppo di organismi in studio.

Per stabilire quale sia la forma ancestrale e derivata di un carattere si identifica un *outgroup*, cioè un gruppo di organismi esterno al gruppo in studio, perché originato da un antenato più antico, ma più vicino evolutivamente al gruppo in studio più di quanto sia qualunque altro gruppo esterno. Lo stato del carattere presente nell'*outgroup* viene considerato ancestrale (*plesiomorfo*) mentre lo stato o gli stati dei caratteri presenti nel gruppo in studio vengono definiti caratteri derivati (*apomorfi*).

La condivisione di "caratteri derivati" da parte di un gruppo di organismi viene detta *sinapomorfia*, e le sinapomorfie sono indice di *monofilia*, cioè portano ad considerare i membri di quel gruppo come derivati da un unico antenato comune.

Per la cladistica solo i gruppi monofiletici, cioè organismi che condividono un antenato comune recente, possono essere elevati al rango di *clade* e costituire una categoria tassonomica.

La classificazione si basa inoltre sull'assunto che due nuove specie si formino improvvisamente per separazione da un antenato comune anziché attraverso un graduale cambiamento evolutivo. Tali

relazioni sono illustrate mediante diagrammi - i cladogrammi - formati da un sistema di ramificazioni dicotomiche. Ciascun punto di ramificazione rappresenta una divergenza da un antenato comune.

Linee filetiche discendenti dallo stesso ramo si dicono gruppi monofiletici. Se tale gruppo non comprende tutti i discendenti del progenitore ancestrale verrà detto parafiletico.

Una analisi cladistica si può basare su un'ampia varietà di dati, incluse le analisi di sequenza del DNA (cosiddetti "dati molecolari"), dati biochimici e dati morfologici.

Un **clade** è definito come un gruppo tassonomico di organismi costituito da un antenato singolo comune e tutti i discendenti comuni a quell'antenato. Qualsiasi gruppo che corrisponde alla definizione viene considerato monofiletico e può essere rappresentato sia da un'analisi filogenetica, o da un cladogramma.

Se un clade viene considerato robusto in varie analisi usando differenti insiemi di dati, può entrare a far parte della tassonomia e venir considerato un taxon. Non tutti i taxa attualmente considerati tali sono cladi.

Nella cladistica, un clade che è incluso in un altro più grande è detto "annidato" nel secondo.

In un cladogramma le linee rappresentano caratteri generali di un taxon (raggruppamento), nell'albero filogenetico le linee rappresentano le specie ancestrali. Con albero filogenetico si intende un cladogramma interpretato in senso evolutivo, rappresentando l'evoluzione dei caratteri

Bibliografia

- Kitching IJ, Forey PL, Humphries CJ and Williams DM (1998) *Cladistics*, 2nd edn. Oxford: Oxford University Press.
- Patterson C (1982) *Morphological characters and homology*. In: Joysey KA and Friday AE (eds) *Problems in Phylogenetic Reconstruction*. London: Academic Press.
- de Queiroz K and Gauthier JA (1992) *Phylogenetic taxonomy*. *Annual Review of Ecology and Systematics* 23: 449–480.
- Swofford DL, Olsen GJ, Waddell PJ and Hillis DM (1996) *Phylogenetic inference*. In: Hillis DM, Moritz C and Mable BK (eds) *Molecular Systematics*. Sunderland, MA: Sinauer Associates.
- Wiley EO (1981) *Phylogenetics: The Theory and Practice of Phylogenetic Systematics*. New York: Wiley Interscience.