

Tutte le forme di vita sono collegate tra loro
attraverso la storia evolutiva

La **filogenesi** è la storia dei rapporti evolutivi fra gli organismi o i loro geni.

Un **albero filogenetico** è un diagramma che rappresenta una ricostruzione di tale storia

Gli alberi filogenetici sono comunemente usati per descrivere la storia evolutiva di specie, popolazioni e geni

Un punto di ramificazione (o **nodo**) rappresenta un punto a livello del quale, nel passato, 2 linee evolutive hanno iniziato a divergere

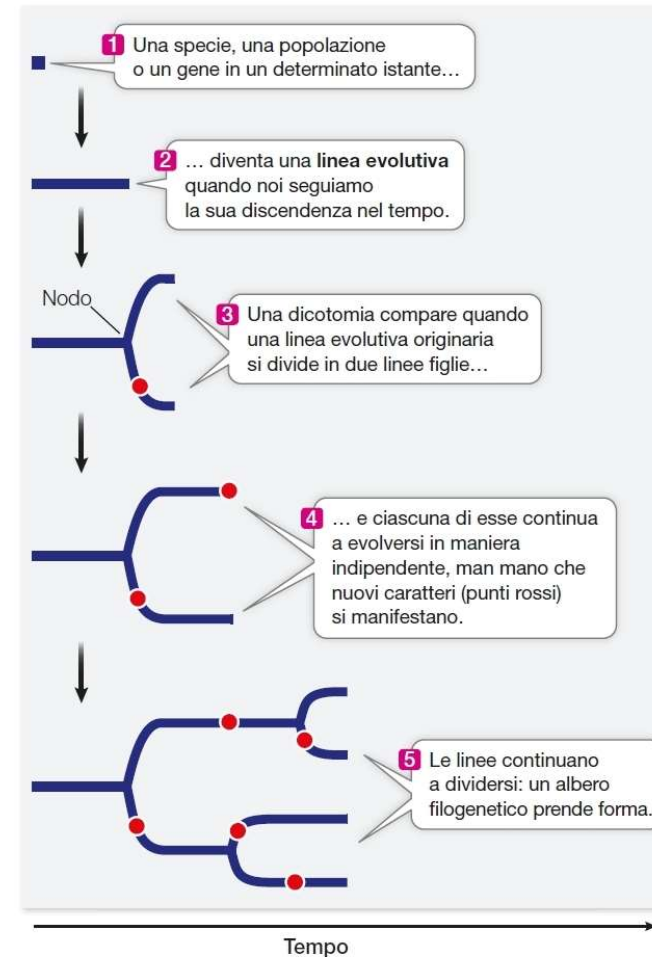
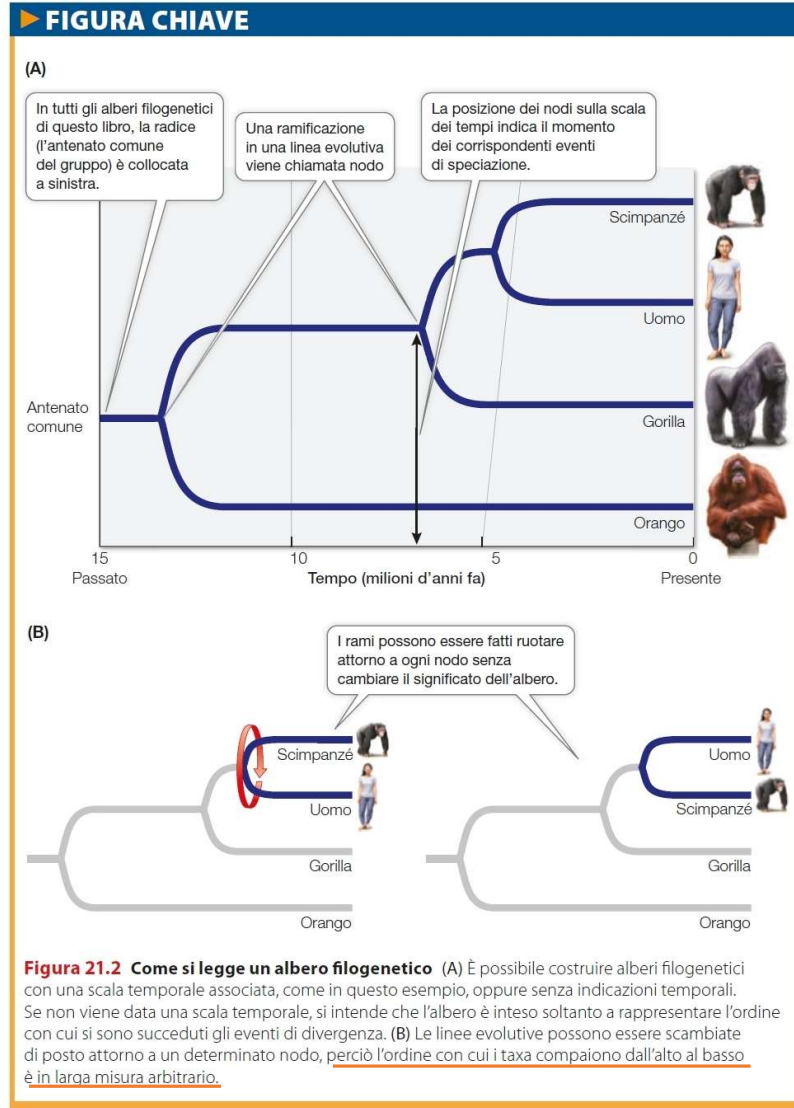


Figura 21.1 Le componenti di un albero filogenetico I rapporti evolutivi fra gli organismi possono essere rappresentati mediante un diagramma a forma di albero.

Come si legge un albero filogenetico



Un clade è costituito da un antenato comune e dall'insieme dei suoi discendenti

Tutti i cladi sono sottoinsiemi di cladi più grandi

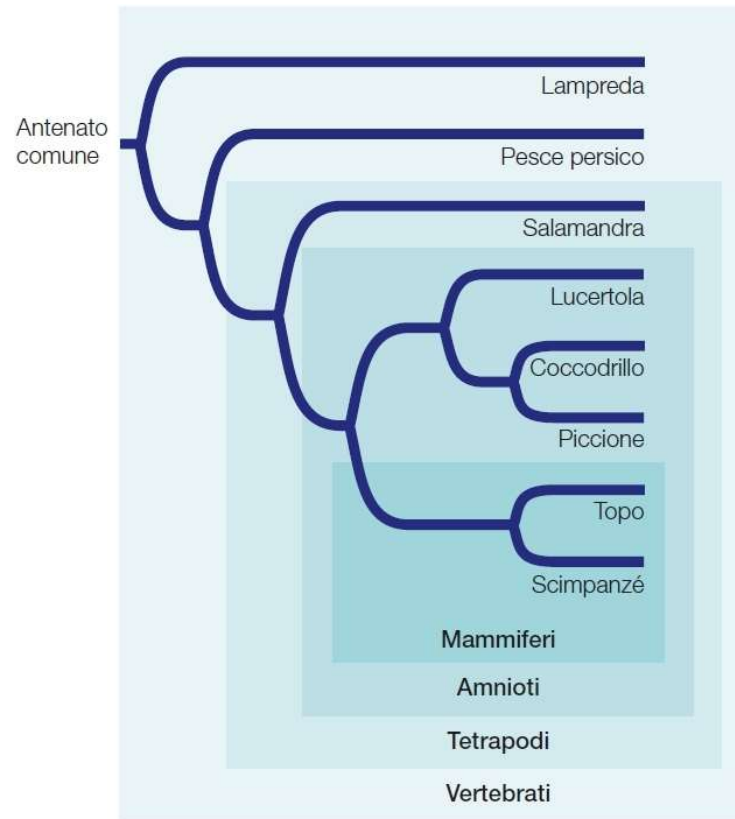
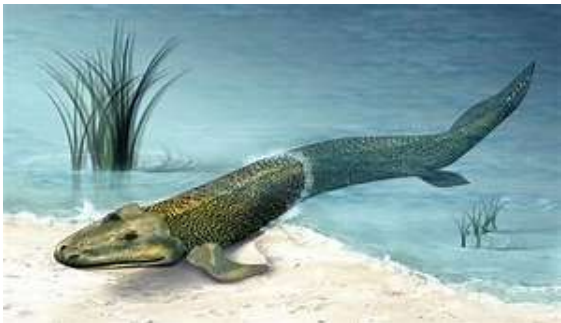


Figura 21.3 Un clade è costituito da un antenato comune e dall'insieme dei suoi discendenti Tutti i cladi sono sottoinsiemi di cladi più grandi e l'insieme dei viventi è il taxon più inclusivo. In questo esempio, i gruppi chiamati mammiferi, amnioti, tetrapodi e vertebrati rappresentano cladi di ampiezza progressivamente maggiore. Nella figura vengono riportate solo poche fra le specie appartenenti a ciascuno di questi cladi.

Le ossa sono omologhe, le ali no

Ali es di **evoluzione convergente**

Gli arti dei cetacei, **inversione evolutiva** (un carattere può tornare indietro da uno stato derivato ad uno stato ancestrale)



Tetrapode ancestrale



Orca

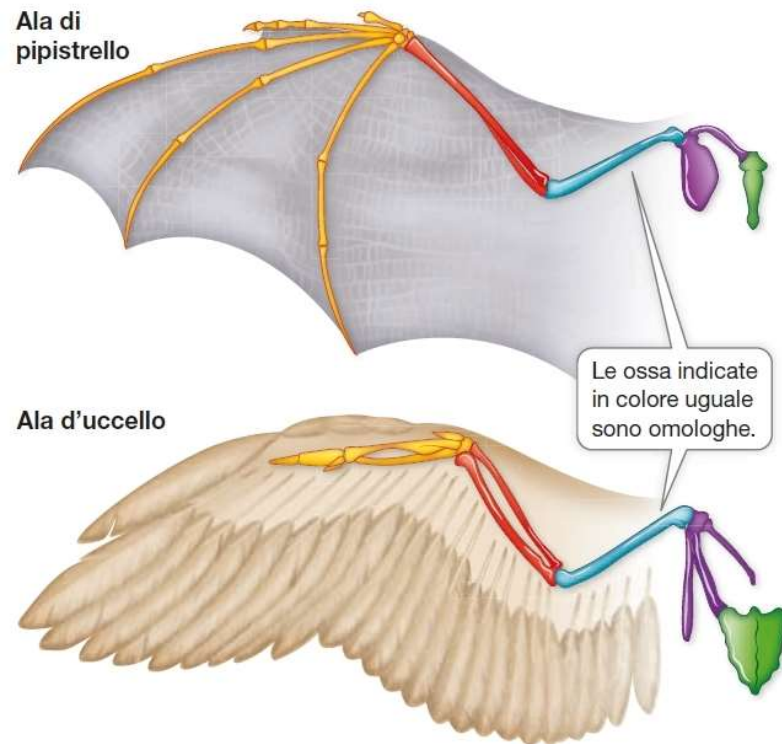


Figura 21.4 Le ossa sono omologhe, le ali no Le strutture ossee di sostegno delle ali dei pipistrelli e quelle delle ali degli uccelli sono derivate da una medesima struttura presente in un comune antenato con quattro arti e sono quindi omologhe. Tuttavia le ali in sé, come appendici con specifico adattamento al volo, si sono evolute indipendentemente nei due gruppi.



Media Clip 21.1 **Morphing degli aracnidi**
Morphing Arachnids

In uno studio filogenetico, il gruppo di organismi di interesse primario è chiamato **ingroup**. Come punto di riferimento l'ingroup viene messo a confronto con un **outgroup**, cioè una specie o un gruppo noto x essere strettamente affine ma filogeneticamente esterno al gruppo di interesse

Tabella 21.1 Presenza/assenza di alcuni caratteri derivati condivisi in otto vertebrati

Taxon	Carattere derivato							
	Mascelle	Polmoni	Artigli o unghie	Ventriglio	Penne	Pelo	Ghiandole mammarie	Squame cheratinizzate
Lampreda (outgroup)	-	-	-	-	-	-	-	-
Pesce persico	+	-	-	-	-	-	-	-
Salamandra	+	+	-	-	-	-	-	-
Lucertola	+	+	+	-	-	-	-	+
Coccodrillo	+	+	+	+	-	-	-	+
Piccione	+	+	+	+	+	-	-	+
Topo	+	+	+	-	-	+	+	-
Scimpanzé	+	+	+	-	-	+	+	-

es. Colonna vertebrale

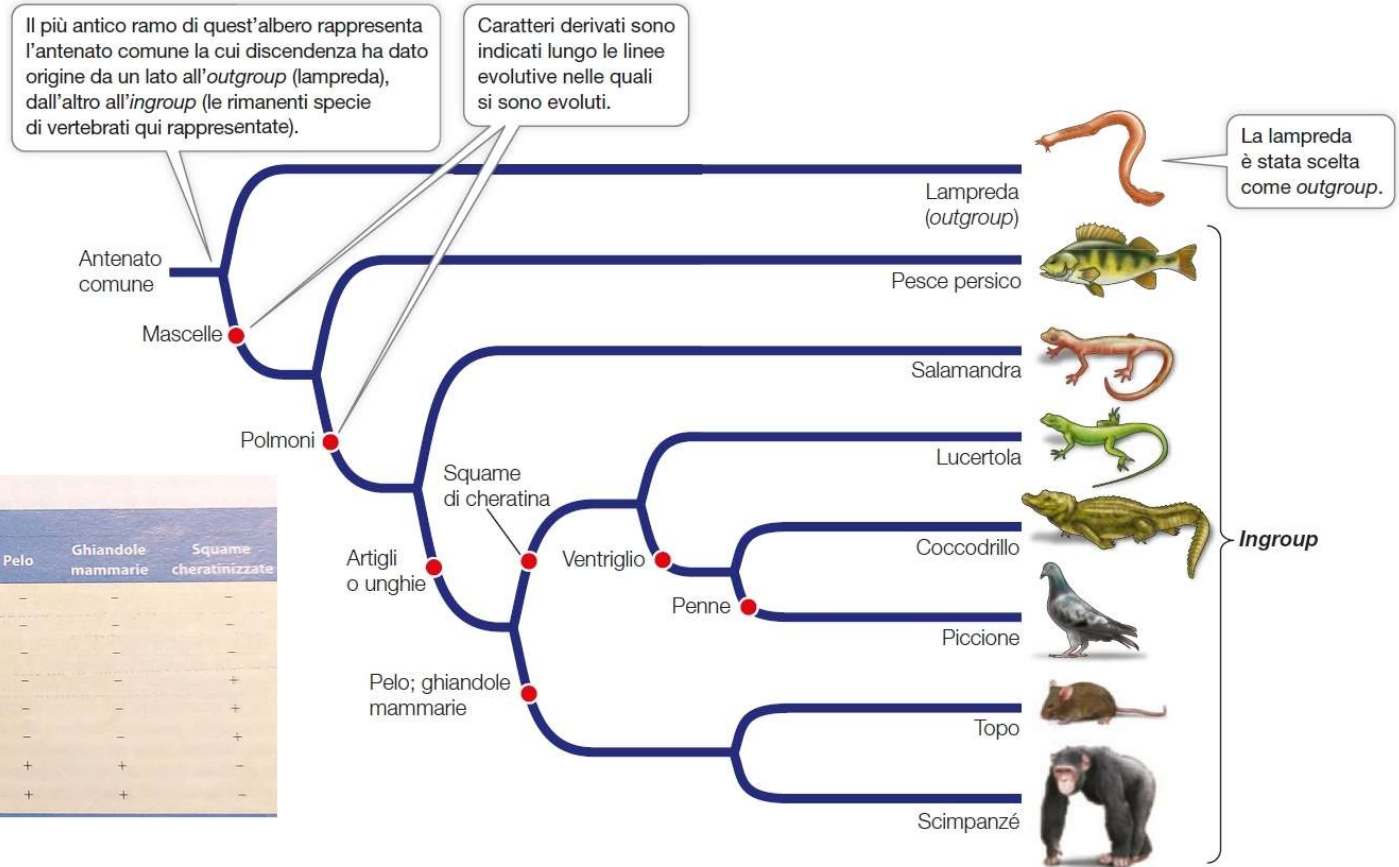


Figura 21.5 La costruzione di un albero filogenetico Questo albero filogenetico è stato costruito in base alle informazioni fornite nella ► Tabella 21.1 e utilizzando il principio di parsimonia. Ogni clade in questo albero è sostenuto da almeno un tratto comune derivato (sinapomorfia).

Omoplasie: caratteristiche simili prodotte da evoluzione convergente o inversioni evolutive



Attività 21.1 Costruire un albero filogenetico
Constructing a Phylogenetic Tree

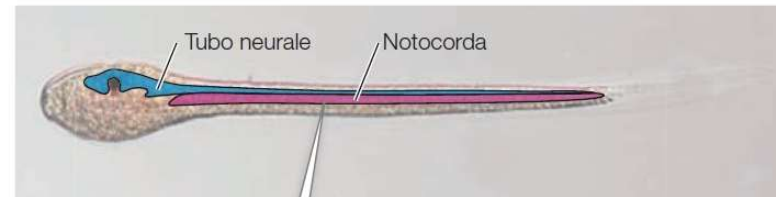
Stabilisce che la spiegazione dei dati osservati da preferire è la più semplice fra le spiegazioni possibili

La filogenesi di una specie viene ricostruita sulla base di molte fonti di dati:

- morfologici
- **sviluppo**
- paleontologici
- comportamentali
- molecolari

Lo **sviluppo** rivela i rapporti evolutivi tra le ascidie e i vertebrati

Larva di ascidia (Urocordati o tunicati)



Tra le larve delle ascidie e quelle delle rane (girini) vi sono molte somiglianze morfologiche, tra le quali la presenza di una notocorda che dà sostegno al corpo.

Larva di rana

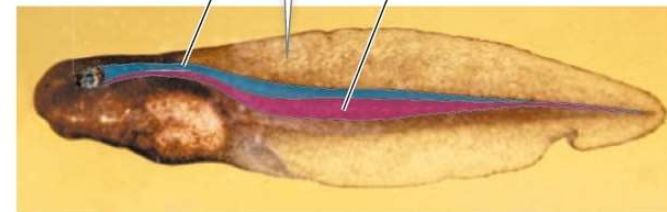


Figura 21.6 Lo sviluppo rivela i rapporti evolutivi fra le ascidie e i vertebrati Tutti i cordati – il gruppo tassonomico che comprende sia le ascidie sia le rane – presentano una notocorda durante qualche fase del loro sviluppo. Le larve condividono somiglianze che non sono evidenti nei rispettivi adulti. Tali somiglianze nello sviluppo possono fornire utili indizi di rapporti evolutivi. La notocorda scompare nelle ascidie adulte. Nelle rane adulte, come in tutti i vertebrati, la colonna vertebrale sostituisce la notocorda come struttura di supporto.

Adulto



Adulto



A dispetto della somiglianza tra le loro larve, la **morfologia** degli adulti di rana e di ascidia offre ben pochi indizi circa la derivazione di questi due animali da un antenato comune.

La ricostruzione di eventi passati importante per comprendere molti processi biologici. Nelle malattie zootiche è importante capire quando, dove e come la malattia ha interessato per la prima volta la popolazione umana

Scimpanzé viene cacciato a scopo alimentare nell'Africa centrale,
Cercopiteco moro nell'Africa occidentale

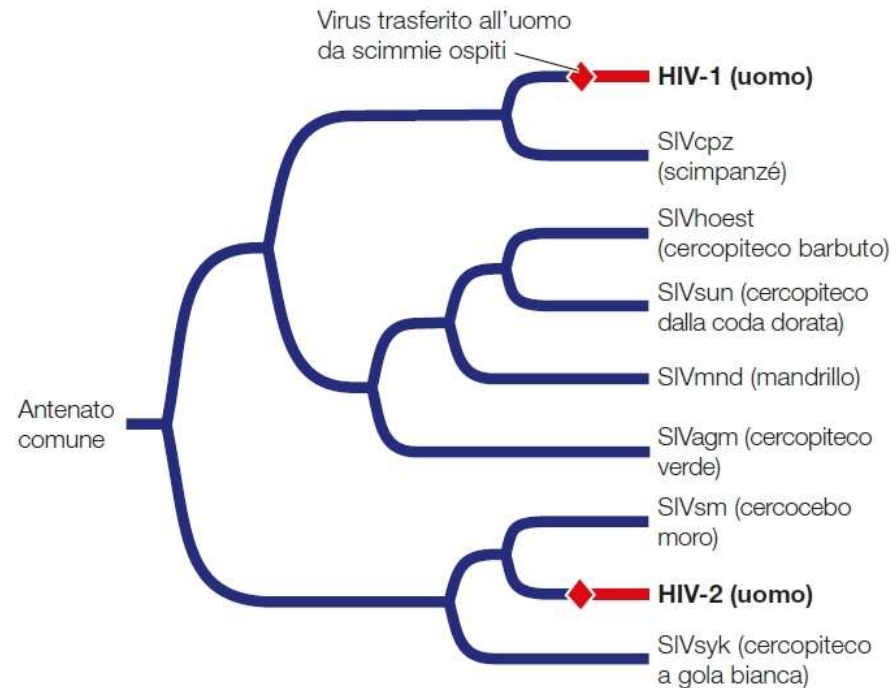


Figura 21.7 Albero filogenetico dei virus dell'immunodeficienza Le relazioni evolutive fra i virus dell'immunodeficienza mostrano che questi virus sono stati trasmessi agli esseri umani da due differenti scimmie ospiti: HIV-1 dallo scimpanzé e HIV-2 dal cercopiteco moro. SIV è l'acronimo di «virus dell'immunodeficienza delle scimmie».

La filogenesi è la base per la classificazione biologica

Il sistema di classificazione biologica largamente in uso è quello sviluppato da Linneo nel '700: **sistema di nomenclatura binomia**, per riferirsi in modo non ambiguo agli stessi organismi (prima del concetto di evoluzione)

2 nomi, uno indicativo della **specie** uno indicativo di un gruppo di specie strettamente affini (**genere**), + il nome del tassonomo che per primo ha proposto il nome

Homo sapiens Linnaeus, 1758

Formica rufa Linnaeus, 1758

Sistema gerarchico:

Famiglia: suffisso -idae (Formicidae)

Ordine Hymenoptera

Classe Insecta

Phylum Artropoda

Regno Animalia

La classificazione di Linneo non è oggettiva, non ci sono criteri per l'assegnazione a una categoria

Le classificazioni biologiche sono usate per esprimere parentele evolutive tra organismi.

I taxa dovrebbero essere monofiletici

Non sempre ci sono le informazioni filogenetiche per costruire taxa monofiletici

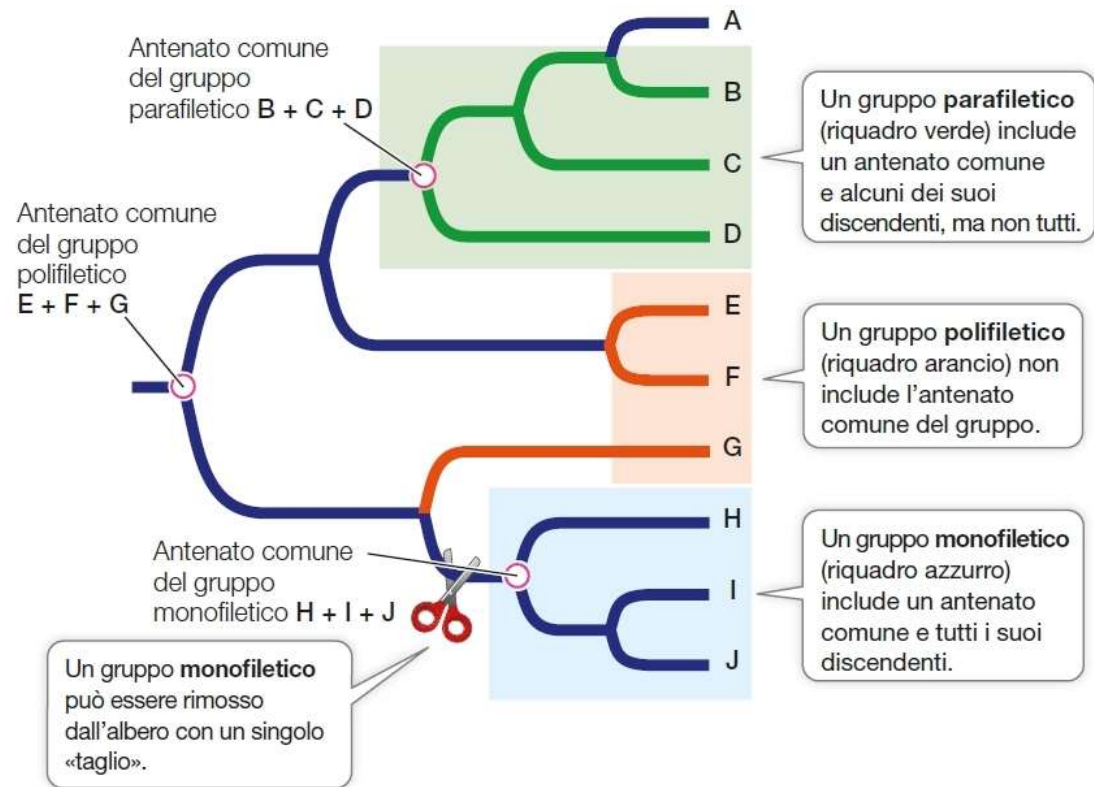


Figura 21.13 Gruppi monofiletici, polifiletici e parafiletici Il riconoscimento dei gruppi monofiletici è alla base della delimitazione dei taxa nella classificazione biologica moderna, al contrario dei gruppi polifiletici e parafiletici, che non riflettono accuratamente la storia evolutiva.



Attività 21.3 Tipi di taxa
Types of Taxa