



Systematyka - skąd te zmiany?

Karol Sabath
26.X.2003

W nowych podręcznikach biologii do szkół ponadgimnazjalnych, jakie trafiły na rynek w związku z reformą szkolnictwa, można znaleźć podziały systematyczne odbiegające od przyzwyczajzeń doświadczonych pedagogów (a także różniące się między sobą w książkach różnych autorów i wydawnictw).

Może to budzić irytację, zdziwienie i pytania: "To właściwie która systematyka jest poprawna?".

Trzeba pamiętać, że systemy klasyfikacyjne nie są dane raz na zawsze, nie są dogmatycznie uświęcone. To są (i były) wytwory człowieka, służące w dużej mierze celom praktycznym (porządkowaniu opisu świata przyrodniczego i jednolitemu nazewnictwu kategorii, jakie można w nim wyróżnić, aby stworzyć wspólny język różnych specjalistów z całego świata).

Zmiany w klasyfikacjach systematycznych odzwierciedlają zarówno postęp wiedzy, jak i różnice metodologiczne pomiędzy autorami.

Od półtora wieku biolodzy starają się budować systemy naturalne, odzwierciedlające postulaty Darwina: "wszelka poprawna klasyfikacja odtwarza genealogię" i "układ naturalny" jest to układ, usiłujący przedstawić stosunki pokrewieństwa, w którym stopnie nabytych różnic oznaczone są terminami: odmiany, gatunki, rodzaje, rodziny, rzędy i gromady" wyrażone w 1859 roku w XIII (w późniejszych wydaniach XIV) rozdziale O powstawaniu gatunków.

Konkretna klasyfikacja wyraża zatem przyjętą przez danego autora hipotezę na temat przebiegu ewolucji danej grupy. Tak więc zmiany poglądów na filogenezę w obrębie jakiegoś taksonu przejawiają się w przenoszeniu jakichś gatunków czy większych grup w inne sąsiedztwo.

W ostatnich dziesięcioleciach ważnym bodźcem do takich korekt stały się coraz łatwiejsze do przeprowadzenia porównania molekularne (białek lub DNA) organizmów, które wskazują na ilościowo mierzalny stopień spokrewnienia poszczególnych grup. Zazwyczaj potwierdzają one intuicje badaczy oparte na tradycyjnych metodach np. anatomii porównawczej, ale bywa, że skłaniają do zmiany utartych schematów, np. przegrupowania pokrewieństw niektórych typów bezkręgowców (np. wykazanie wśród pierwotnych dwóch wyraźnych grup: lofotrochorowców *Lophotrochozoa* i wylinkowców *Ecdysozoa*) czy niektórych rzędów ssaków (por. np. Gore 2003).

Z drugiej strony, niektóre różnice systematyczne wynikają z przyjęcia innych założeń formalnych (przynależności do innej szkoły taksonomicznej) mimo zgodności poglądów na schemat pokrewieństw łączących dane grupy. Najpopularniejsza dziś szkoła, systematyka filogenetyczna (kladystyka) zakazuje formalnego wyróżniania grup parafiletycznych, tj. skupiających tylko niektórych potomków wspólnego przodka, z wyłączeniem innych, np. bardziej wyspecjalizowanych.

Tak więc wypada zrezygnować z formalnego posługiwania się takimi grupami jak "gromada gadów" czy "ryb".

Wreszcie pewien wpływ na preferowaną systematykę ma osobowość badacza: znany jest choćby podział na "rozdrabniaczy" (ang. *splitters*) i "scalaczy" (ang. *lumpers*) - jedni nadają chętnie rangę odrębnych rodzajów czy jednostek wyższego rzędu taksonom, które drudzy wrzucają do "jednego worka".

Np. tradycyjnie w systematyce hominidów dominowali "splittersi": człowiek należał do innej rodziny niż szympan, niemal każda skamieniałość praczłowika dostawała odrębną nazwę gatunkową, a nawet rodzajową.

Wynikało to z subiektywnego postrzegania człowieka jako taksonu bardzo różniącego się od reszty ssaków i nadawaniu wielkiego znaczenia systematycznego różnicom, które w przypadku innych grup nie byłyby podstawą do wyodrębniani aż tylu taksonów tak wysokiej rangi.

Obecnie przeważa tendencja przeciwna.

Różnice molekularne między nami a szympanami są mniejsze od różnic między nimi a gorylami, nie mówiąc już o orangutanach, dlatego wielu prymatologów włącza dziś afrykańskie małpy człekokształtne do rodziny *Hominidae*.

Podobnie rodzaje i gatunki *Pithecanthropus erectus*, *Sinanthropus pekinensis* włączono do jednego gatunku: *Homo erectus*, a rodzaje *Plesianthropus*, *Zinjanthropus* i *Paranthropus* - do rodzaju *Australopithecus* (zwykle łączy się je w podrodzaj *Paranthropus*) zob. **Sabath 2003**.

Wreszcie kolejna kategoria zmian to zmiany nazewnictwa wynikające z formalnych przepisów międzynarodowych kodeksów nazewnictwa biologicznego (przede wszystkim zoologicznego ICZN, botanicznego ICBN, ale także bakteriologicznego czy wirusologicznego).

Takie formalne zmiany dotyczą zarówno nazw rodzajowych i gatunkowych, jak i mianownictwa taksonów wysokiego rzędu.

W przypadku gatunków i rodzajów najczęściej mamy do czynienia z egzekwowaniem zasady priorytetu i zastępowaniem młodszych (często popularnych) synonimów przez starsze nazwy mające pierwszeństwo.

W ten sposób np. lancetnik zmienił nazwę z *Amphioxus* na *Branchiostoma*, a brontozaur na apatozaura (nazwa *Apatosaurus* była o 2 lata starsza niż *Brontosaurus*).

Zasada priorytetu nie obowiązuje sztywno w przypadku taksonów wyższego rzędu, ale za to każda zmiana rangi taksonu skutkuje zmianą końcówki nazwy łacińskiej - np. włączenie jakiegoś rzędu do innego - powiedzmy chruscieli (*Ralliformes*) do żurawi (*Gruiformes*) - zdegradowało je do rodziny *Rallidae*.

Podobnie w zależności od tego, czy rozpatrujemy sinice jako prokarionty, czy jako glony właściwa będzie końcówka zalecana przez kodeks nazewnictwa bakteryjnego albo botanicznego (*Cyanobacteria* albo *Cyanophyceae*).

Analogicznie dzieje się z protistami (można je nazywać zgodnie z kodeksem botanicznym albo zoologicznym): np. bruzdnice to *Dinophyceae* albo *Dinoflagellata* (przy okazji mamy do czynienia z jeszcze jedną rozbieżnością: kodeks botaniczny zaleca pisanie kursywą wszystkich nazw taksonomicznych, a zoologiczny - tylko objętych działaniem zasady priorytetu, tj. od rodzaju w dół).

W nauczaniu biologii trzeba się więc pogodzić ze zmianami w ujęciach systematycznych i w razie potrzeby tłumaczyć uczniom, z czego one wynikają. W szczególności wyłania się potrzeba rozróżniania między systematyką formalną, głównie na użytek biologów, która stara się możliwie wiernie odwzorować relacje pokrewieństw ewolucyjnych między taksonami (bez względu na poziom różnic fenotypowych jakie pojawiły się u wyspecjalizowanych podgrup), a potocznymi klasyfikacjami (często bliższymi tradycyjnym podziałom).

Te tradycyjne podziały bywają często użyteczne także dla ekologów, leśników itp. (wygodniej jest używać kategorii: glony, plankton zwierzęcy, ryby niż każdorazowo wymieniać formalne taksony należące do poszczególnych grup). Uczniowie nie zainteresowani biologią nie muszą (i nie powinni) śledzić szczegółowych przemian w specjalistycznej literaturze systematycznej - wystarczy im potoczna klasyfikacja i wiedza o tym, że specjaliści posługują się własną, bardziej wyrafinowaną systematyką, dostępną w razie potrzeby np. w internecie.

Różnicę między potocznym a naukowym myśleniem od klasyfikacji można zilustrować na przykładzie psowatych. Są one bardzo blisko spokrewnione ze sobą - tworzą zwarty kład i naturalną jednostkę systematyczną. Wilki, szakale i lisy stanowią gatunki oddzielone od siebie paroma milionami lat odrębnej ewolucji. Psy domowe wywodzą się z wilków udomowionych zaledwie przed parudziesięcioma tysiącami lat. Poszczególne rasy zostały wyselekcjonowane w ostatnich stuleciach.

Ewolucja morfologiczna psa była więc o wiele szybsza niż jego dzikich kuzynów. Na pierwszy rzut oka mogłoby się wydawać, że lisy i szakale są ze sobą spokrewnione o wiele bliżej niż np. jamnik i dalmatyńczyk albo pudel i rottweiler.

Jednak analiza genetyczna wykaże od razu, że poziom różnic DNA między rasami psów jest niższy niż między gatunkami psowatych podobnych do siebie z wyglądu. Po drugie, uczniowie zapytani o pokrewieństwo między np. ratlerkiem, owczarkiem niemieckim czy husky i wilkiem mogą ulec pokusie wskazania na bliższe pokrewieństwo między "wilczurowatymi" psami a wilkami niż między "wilczurami" a pieskami kanapowymi. To jest właśnie klasyfikacja potoczna.

Tymczasem w istocie - i wbrew intuicji - wilczur jest bliżej spokrewniony z ratlerkiem (ma z nim bliższego wspólnego przodka) mimo fenotypowej bliskości do formy wyjściowej. Dlatego poprawna klasyfikacja łączy wszelkie rasy psów w takson węższy niż ten, do którego należą także wilki.

Z analogiczną sytuacją mamy do czynienia także w przypadku np. ludzi i małp człekokształtnych (szympanś jest z nami spokrewniony bliżej niż z gorylem i orangutanem, ale zwracamy uwagę raczej na różnice fenotypowe związane z szybką ewolucją człowieka niż na realny stopień pokrewieństwa) czy gadów i ptaków (krokodyl jest bliżej spokrewniony z ptakami przez wspólnych archozaurowych przodków z początków ery mezozoicznej niż np. z żółwiami, ale zaliczamy je do gadów, bo nie mają cech nabytych przez ptaki w związku z przystosowaniem do lotu).

Z kladystycznego punktu widzenia mamy tu do czynienia z grupami parafiletycznymi.

Najważniejsze zatem jest zrozumienie reguł tworzenia systematyki i ich konsekwencji; trzeba się pogodzić z tym, że taksonomia jest dziedziną dynamiczną i wszystkie podziały systematyczne są prowizoryczne (w podręcznikach akademickich ten ich charakter podkreśla się dodając zastrzeżenie "wg autora X").

Istnieją popularne opracowania (np. Sabath 1984, 1996, 2002), do których można się odwołać przy wyjaśnianiu tej problematyki. Śledzenie ważniejszych zmian może być uciążliwe (bo zmuszające do korygowania wypracowanych schematów), ale za to łatwiejsze dzięki aktualizowanym na bieżąco zasobom internetowym.

Ukazanie systematyki jako nauki żywej, dynamicznej, w której toczą się dyskusje między zwolennikami różnych poglądów powinno z nadatkiem zrekompensować skutki przetasowań w konkretnych omszałych ujęciach klasyfikacyjnych sprzed kilkudziesięciu lat.

Kladystyka

W połowie XX wieku niemiecki entomolog Willy Hennig przedstawił założenia "systematyki filogenetycznej", najpełniej realizującej postulat Darwina, że systematyka powinna odzwierciedlać filogenezę. Graficznym obrazem filogenezy są drzewa rodowe, które u Henniga miały postać niewyskalowanych w czasie schematycznych diagramów z kolejnymi rozwidleniami.

Owe wykresy - kladogramy (od gr. kladon - gałązka, pęd) - zyskały zwolennikom systematyki filogenetycznej ironiczny przydomek "kladystów"

W systematyce kladystycznej za ważne taksony uważa się tylko klady, tj. gałęzie rodowe obejmujące wszystkich potomków jednego przodka. Tak więc muszą one być ściśle monofiletyczne; niedopuszczalne są grupy, które obejmują tylko niektórych potomków, określane jako parafyletyczne (Wolsan 1996). Co więcej, grupa parafyletyczna może być dość wyraźnie wyodrębniona i łatwo rozpoznawalna, a jej parafyletyczny charakter zależy tylko od tego, czy okaże się, że z jednej z należących do niej linii rodowych wyodrębniła się jakaś inna grupa, nieraz zupełnie odmienna na pierwszy rzut oka.

Np. dinozaury dały początek ptakom, i tylko wraz z nimi stanowią naturalny takson w rozumieniu kladystycznym.

Hennig opracował terminologię służącą precyzyjnemu rozróżnianiu cech w zależności od ich użyteczności dla celów taksonomicznych. Po pierwsze, odróżnił cechy pierwotne dla danej grupy, odziedziczone po przodkach, które nazwał plezjomorficznymi, od cech, które wyewoluowały dopiero u rozważanego taksonu - apomorficznych.

Posiadanie przez dwa organizmy wspólnych cech plezjomorficznych (symplezjomorfii) nic nam nie mówi o ich pokrewieństwach - np. o pokrewieństwach między różnymi grupami ptaków niczego się nie dowiemy z faktu, że wszystkie posiadają pióra.

O faktycznych bliskich związkach filogenetycznych świadczą jedynie wspólne cechy apomorficzne (synapomorfie). Tak więc, konstruując kladogram badacz musi dla każdego rozwidlenia kladogramu (węzła) podać przynajmniej jedną synapomorfie łączącą obie grupy siostrzane, które się zeń wywodzą, a nieobecna u grup zewnętrznych. Kladystyci dążą do dychotomicznych (dwudzielnych) rozwidleń na każdym etapie kladogramu, ale czasem z braku wystarczająco szczegółowych danych muszą pozostawiać liczniejsze "pęczki" nierozwikłanych rozwidleń.

Metoda kladystyczna ma wielką zaletę: badacz musi przejrzeć wskazać kryteria wyróżniania wszystkich proponowanych przez siebie jednostek, co ułatwia innym naukowcom sprawdzenie jego założeń i wniosków, a także rozwinięcie danej systematyki. Jednoznaczność metodologii pozwala na jej komputeryzację, a wygodnie można wykorzystywać zarówno dane morfologiczne, jak i molekularne.

Dzięki temu można niezależnie testować rekonstrukcje filogenetyczne oparte na różnych, dla uzyskania wiarygodniejszych schematów filogenezy. Komputer może generować w krótkim czasie bardzo wiele kladogramów, z których wybiera najbardziej oszczędne, tj.

takie, które wymagają najmniej rewersji cech (mutacji wstecznych), aby uzyskać rozkład cech obserwowany u badanych taksonów.

Elegancja metodologiczna, obiektywizacja procedur, łatwość porównywania wyników w standardowej formie i spełnienie postulatów naturalności systematyki (zgodności z ewolucyjnymi pokrewieństwami) przyczyniły się do rozpowszechnienia systematyki filogenetycznej wśród zoologów i paleontologów w ciągu minionych paru dziesięcioleci. Dziś trudno znaleźć w liczącym się piśmie fachowym pracę systematyczną nie podpartą kladogramem i wykazem synapomorfii definiujących poszczególne taksony.

Literatura

DARWIN K. O powstawaniu gatunków drogą doboru naturalnego, czyli o przetrwaniu doskonalszych ras w walce o byt. PWRiL Warszawa 1959; Altaya/De Agostini Warszawa 2001.

GORE R. 2003. Ssaki w natarciu: przystosowanie, ewolucja, przetrwanie. National Geographic PL 3: 58-89

SABATH, K. 1984. Skazani na kladyzm? Problemy 11: 42- 47

SABATH, K. 1996. Systematyka do góry nogami. Gazeta Wyborcza - Magazyn (2 VIII 1996): 18-9.

SABATH, K. 2002. Nowa systematyka starych zwierząt. Biologia w Szkole 1: 4-14

SABATH, K. 2003. **Antropogeneza widziana w początkach XXI wieku.**

WOLSAN, M. 1996. Filogeneza a kladystyka. Kosmos 45 (4): 763-768

Zasoby internetowe w języku angielskim:

ICBN Międzynarodowy Kodeks Nazewnictwa Botanicznego - wyd. tokijskie (najnowsze)

ISAAK M. Curiosities of biological nomenclature. Ciekawostki nazewnictwa biologicznego (reguły nomenklatury biologicznej oraz mnóstwo ciekawych przykładów osobliwych nazw w różnych kategoriach oraz bogaty zestaw odsyłaczy internetowych)

TREE OF LIFE WEB PROJECT - międzynarodowe opracowanie zbiorowe - zorganizowany w postaci hierarchicznie uporządkowanego "drzewa życia" ilustrowany opis ważniejszych taksonów (prawie 3000 stron); można wędrować w dół i w górę gałęzi, a także posługiwać się wyszukiwarką