

Översikt över systematikens olika nivåer.

INDELNING	SVENSKT NAMN	LATINSKT NAMN
DOMÄN	EUKARYOTA	EUKARYA
RIKE	djurriket	Animalia
FYLUM (STAM)	ryggsträngsdjur	Chordata
KLASS	däggdjur	Mammalia
ORDNING	rovdjur	Carnivora
FAMILJ	hunddjur	Canidae
SLÄKTE	hundar och vargar	Canis
ART	varg	Canis lupus

Systematikens nivåer: från mindre till större grupper av organismer: art, släkte, familj, ordning, klass, fylum, rike, domän.

Olika forskare har olika åsikt både om hur många arter som ska bilda ett visst släkte och hur stor exempelvis en familj, en ordning eller en klass ska vara.

Vid gruppering ska man egentligen alltid ställa två krav, nämligen att:

- alla arter inom gruppen har ett gemensamt ursprung,
- alla arter som har ett gemensamt ursprung ska vara med i gruppen.

För många grupperingar är inte det andra kravet riktigt uppfyllt. Det har oftast historiska skäl. En kompromiss är att grupperingen ska vara praktisk och hanterbar. Ett exempel är fåglarna som borde höra till reptilerna, men trots detta utgör en egen systematisk grupp (klass).



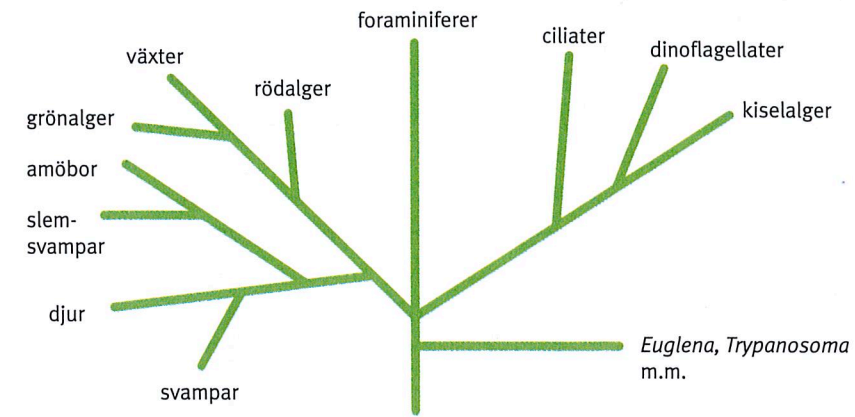
Troligen är krokodilen och strutsen närmare släkt med varandra än vad var och en av dem är med sköldpaddorna. Ändå räknas krokodiler och sköldpaddor till klassen reptiler medan fåglarna har sin egen klass. Denna onaturliga indelning har historiska och praktiska orsaker.

Domäner: de allra största grupperingarna av levande organismer: bakterier, arkéer och eukaryota. Arkéer och eukaryota står närmare varandra än arkéer och bakterier.

Rikena är nu enligt många forskare minst 14–15 stycken, och de förs i sin tur ihop till tre *domäner*: eukaryoter, bakterier och arkéer. Som du kunde läsa i kapitel 2, har eukaryota organismer cellkärna, medan bakterier och arkéer i stället har prokaryota celler utan cellkärna (s. 20-21).

Släktskapen mellan de eukaryota organismernas olika riken återges av stamträdet på nästa sida. De riken vi ska titta mest på är djurriket, svampriket och växtriket, men olika former av "enkla eukaryoter" tar vi också upp. Tidigare har man räknat svamparna till växtriket, men som framgår av stamträdet är de närmare släkt med djuren än med växterna.

Sättet att dela in alla levande organismer i tre domäner, och deras släktskap.



Stamträd över eukaryota organismer.

## Kladistik

Biologernas indelning av organismerna i grupper enligt ovan är inte alltid självklar. Det finns alltid en del organismer som det är svårt att hitta rätt "fack" till. Likaså måste man ganska ofta föra in grupperingar mellan exempelvis ordning och familj: underordning eller överfamilj, och så vidare.

I stället för att fastna i sådana problem har många biologer valt att börja arbeta på ett annat sätt. Om man kallar en enhetlig grupp organismer "klass", "ordning" eller något annat spelar mindre roll. Den tyske insektsforskaren Willi Hennig införde arbetssättet *kladistik*, för att ställa upp *kladogram*, som ska visa på arters släktskapsförhållanden.

Vi kan ge ett exempel som angår oss alla, nämligen hur man försöker få ihop släktskapen mellan människorna och de stora aporna. Här försöker vi jämföra orangutang, gorilla, schimpans och bonobo, samt människan (människoapor). För att upptäcka gemensamma drag hos dessa kan man också jämföra med en "utegrupp", lämpligen en annan apa, till exempel babianer.

Basen i kladogrammet får man fram genom att se på gemensamma karaktärer som verkar vara ursprungliga. Babianer och människoapor är ju alla apor. Som andra däggdjur har de hår, jämn kroppstemperatur och föder levande, välutvecklade ungar som föds upp på mjölk från modern.

Gemensamt för apor är stor hjärna, kindtänder som är anpassade att mala sönder maten, och ögonen riktade framåt. Babianerna skiljer sig dock från människoaporna bland annat genom att de alltid går på alla fyra, att de har svans och att de har en mer utdragen, hundliknande nos än människoaporna.

För varje förgrening i kladogrammet finns en eller flera karaktärer som är speciella för just den grenen. När man arbetar med organismer som liknar varandra rätt mycket, i det här fallet människoapor, finns flera olika, möjliga förgreningsmönster. Vid varje förgrening ska det finnas karaktärer som är "gamla" och gemensamma. Men vi vet inte alltid vilka karaktärer som är gamla respektive nya!

Det hela kompliceras också av att evolutionen ibland kan gå i motsatt riktning mot förut – försvunna karaktärer kan nämligen dyka upp igen. Se exempelvis nyckelhålet på s. 168: Upp på land – och ned i vattnet igen.

I sådana här fall måste man försöka hitta det minst komplicerade kladogrammet, med minst antal nödvändiga förändringar i varje förgrening, och minst antal "återmutationer". För det krävs oftast datorer.

Kladistik: princip för indelning av levande organismer, där det viktigaste är att visa på släktskap, inte om man har ett göra med "ordning", "familj" eller andra domäner.

Kladogram: schema (stamträd) som visar den mest sannolika uppställningen av hur organismer är släkt.



Ett kladogram återger släktskapen på ett mer korrekt sätt enligt forskningens nuvarande ståndpunkt.