

## Moeten we Cupressus opsplitsen?

Dr. A. Farjon

*In de afgelopen jaren is in een toenemend aantal moleculair-taxonomische studies voorstellen gedaan, om de opvattingen over bepaalde families en geslachten drastisch te herzien. Veranderingen op familieniveau hebben geen consequenties voor plantennamen, maar veranderingen op geslachtsniveau juist wel. Dit heeft ernstige bezorgdheid gewekt in de tuinbouw (Brickell & al. 2008). Vooral omdat sommige, voor de tuinbouw belangrijke geslachten in twee of meer geslachten zijn gesplitst, terwijl er geen duidelijke morfologische verschillen zijn. Aan de andere kant zijn er soms geslachten samengevoegd, die morfologisch duidelijk verschillend zijn. Dergelijke voorstellen zijn ook gepubliceerd voor het geslacht Cupressus.*

Sinds 2004 is in een klein aantal Amerikaanse publicaties geconcludeerd dat het geslacht opgesplitst moet worden. Voor de helft van het geslacht zijn er al twee verschillende namen, die sinds 2006 worden toegepast. Deze auteurs claimen dat de gegevens nu zo'n overstelpende ondersteuning hiervan zijn dat er werkelijk geen andere mogelijkheid is dan dit te accepteren, met bijbehorende verstrekkende naamsveranderingen. Is deze claim terecht?

Moeten we het geslacht *Cupressus* in mootjes hakken? In dit artikel wordt beargumenteerd dat we uit wetenschappelijk oogpunt een dergelijke verplichting niet hebben en dat het beter is als we kennis nemen van deze interessante bevindingen over bepaalde verwantschap in het geslacht *Cupressus*, maar dat er geen reden is de huidige omschrijving, zoals gegeven in mijn monografie van de familie, te verlaten (Farjon, 2005).

Ter verantwoording van bovenstaande worden eerst enkele van de aannames, doelstellingen en methodes van verwantschapsonderzoek (cladistiek) kort uitgelegd. Deze nuttige discipline is doorspekt met moeilijke terminologie; in dit artikel wordt dit zoveel mogelijk beperkt. In figuur 1 staat een verwantschapsboom (cladogram) van Adams et al. (2009) ter illustratie. Wat zijn nu de verdiensten en wat zijn de tekortkomingen van dit moderne classificatiesysteem. Het wordt ook wel als een "natuurlijk" classificatiesysteem gezien omdat het poogt de evolutie weer te geven van de betreffende groep. Het lijkt soms onvermijdelijk om nieuwe fylogenetische inzichten te volgen. Met deze publicatie wordt geprobeerd om mensen hierover aan het denken te zetten.

### Wat is cladistiek?

Cladistiek of verwantschapsonderzoek is een methode waarmee onderscheidende kenmerken op een logische, consistente wijze zijn te ordenen. Het is ontstaan in de jaren '60 als een antwoord op de toen steeds meer voorkomende intuïtieve classificatie van organismen door taxonomen. Deze taxonomen werkten op gevoel en claimden veel achtergrondkennis en methoden in hun hoofd te hebben. Net als de "traditionele" taxonomen zijn cladisten het erover eens, dat evolutie een factor is waarmee in een methode rekening gehouden moet worden. Het was Willi Henning, een Duitse entomoloog, die de cladistische methode duidelijk formuleerde in een boek, waarvan de Engelse uitgave uit 1966 het meest bekend is. Hij onderscheidde twee soorten kenmerken (of beter kenmerktoestanden): primitieve en afgeleide. De primitieve toestand is de voorouderlijke toestand en de afgeleide toestand behoort bij de afstammeling(en). Het doel is de verwantschap tussen soorten (of andere taxa) te vinden, die zijn gebaseerd op gedeelde afgeleide kenmerktoestanden.

Als twee soorten een afgeleid kenmerk delen, terwijl de toestand van dat kenmerk primitief is in andere leden van de groep (bijvoorbeeld het genus) dan wordt aangenomen dat deze twee soorten dit kenmerk kregen van een gemeenschappelijke voorouder, die dit ook had en dat zij daarom "fylogenetisch" nauwer aan elkaar verwant zijn dan aan andere soorten in de groep. Methoden, zoals vergelijking met andere, hypothetisch verwante groepen, blijken te helpen bepalen welke van twee kenmerktoestanden is afgeleid. Alleen gedeelde afgeleide kenmerktoestanden zeggen ons iets over deze verwant-

schap. Zulke berekeningen worden snel astronomisch complex met vele taxa en veel kenmerken (vooral met DNA sequentie gegevens), maar computers zijn geschikt om dit efficiënt te doen. Steeds meer gekunstelde algoritmen worden bedacht om het hoofd te bieden aan deze stortvloed aan gegevens, en de problemen zijn soms hieraan inherent. Iedereen die deze methoden begrijpt zal beamen dat de methode helder is, dat de gemaakte veronderstellingen duidelijk zijn geformuleerd, en dat dit tot nu toe de best ontdekte en ontwikkelde methode is om een hypothese over verwantschap tussen taxa te formuleren.

### Gemeenschappelijke voorouders

Dus, de cladistische analyse geeft ons de fylogenie (of een goede benadering) van een groep taxa (bijvoorbeeld. soorten van *Cupressus* en *Juniperus*). Wat betekent dit? Het is een hypothese over de gemeenschappelijke voorouder van de taxa waarop de analyse betrekking heeft.

Het informeert ons dat bepaalde soorten een dichtstbijzijnde gemeenschappelijke voorouder delen, die niet gedeeld wordt door andere soorten van de groep. Het geeft geen informatie over de voorouders, die hypothetisch blijven. Aangezien de analyse is gebaseerd op taxa die voorhanden zijn geeft het ook geen informatie over wat de verwantschap van uitgestorven taxa (als bekend is dat ze bestaan hebben) zou kunnen zijn in de fylogenie. Verwantschap (A en B zijn nauwer met elkaar verwant dan elk is tot C) heeft dus alleen maar betrekking op taxa waarvan de kenmerken zijn onderzocht (N.B. degelijk verzamelen van taxa is daarom cruciaal voor de geldigheid van de resultaten). In cladistische (fylogenetische) systematiek wordt het resultaat van de analyse, dat wil zeggen het ordenen van taxa vertegenwoordigd door de geanalyseerde gegevens, direct vertaald in een classificatie of groepering van taxa. Het hebben van gemeenschappelijke voorouders is het enige criterium.



89. *Juniperus* (bv. deze *J. pseudosabina*) heeft gemeenschappelijke voorouder met Amerikaanse *Cupressus*-soorten

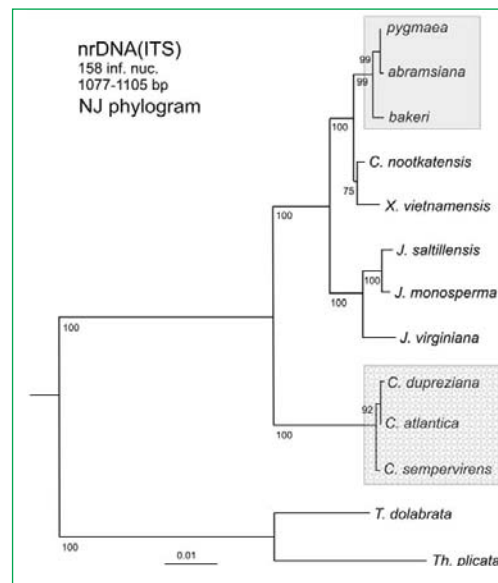
### Cladistiek van *Cupressus* als voorbeeld

Om te zien wat dit betekent kijken we naar het cladogram van Adams & al. (2009), figuur 1. Aan de basis staat een clade (= tak in een cladogram) met twee soorten van *Thuja* en *Thujaopsis*, zij werden gekozen als onverwante groep ("outgroup"). Het opnemen van een onverwante groep in een cladogram wordt standaard gedaan, omdat daardoor beter onderscheid kan worden gemaakt tussen de 'primitieve' en 'afgeleide' kenmerken in de plantengroep waarnaar onze interesse uitgaat (de "ingroup"). Dit zijn, van boven naar beneden, drie Californische soorten *Cupressus*, *Xanthocyparis nootkatensis* (hier genoemd *Callitropsis nootkatensis*), *X. vietnamensis*, drie soorten *Juniperus* en drie soorten van Afrikaans/Euraziatische *Cupressus*. Het belangrijkste resultaat is de plaatsing van *Juniperus*. Deze drie soorten zijn nauwer verwant met soorten *Cupressus* uit Californië (slechts twee clades verwijderd) dan de Afrikaans/Euraziatische soorten *Cupressus* (drie clades verwijderd). Het blijkt dat Californische soorten *Cupressus* en *Juniperus* een (hypothetische) gemeenschappelijke voorouder delen die niet gedeeld wordt door de Afrikaans/Euraziatische soorten



90. De Amerikaanse soort *Cupressus arizonica* zou volgens sommige cladisten nu *Hesperocyparis arizonica* moeten heten.

*Cupressus*. Een cladistische (fylogenetische) classificatie is gebaseerd op gemeenschappelijk voorouderschap en daaruit volgt dat *Juniperus* een deel wordt van *Cupressus* (zoals ook bij de twee soorten *Xanthocyparis*) als we de drie Afrikaans/Euraziatische soorten plus de Californische soorten in *Cupressus* handhaven. Dat is een optie onder deze cladistische leerstelling (ook bekend als monofyletische groepering), en het zou de overdracht van het geslacht *Juniperus* met alle ongeveer 55 soorten betekenen, die worden herbenoemd onder *Cupressus*. De andere optie, aangenomen door de auteurs van dit artikel, is om *Cupressus* op te splitsen in een Amerikaanse helft (hier met als nieuwe naam *Hesperocyparis*) en een Afrikaans/Euraziatische helft, die de naam *Cupressus* houdt. Zijn we verplicht dit te accepteren en de Amerikaanse *Cupressus macrocarpa* voortaan *Hesperocyparis macrocarpa* te noemen en hetzelfde te doen voor nog 10 of meer soorten? Als je een cladist bent is het antwoord ja. Het is logisch consistent met de uitgangspunten en de methoden van de cladistiek en de hypothese wordt goed ondersteund door de gegevens. Maar heeft een 'natuurlijke' classificatie, zoals hierboven weergegeven, andere criteria die in deze zaak ingebracht kunnen worden? Ja, er zijn andere criteria, die ook van belang zijn.



Figuur 1  
NJ phylogram gebaseerd op nrDNA(ITS). De getallen onder de takken zijn de zg. 'bootstrap probabilities', een maat voor de waarschijnlijkheid (100 = zeker). De cipressen van het oostelijk halfrond zitten in het onderste gearceerde blok en de cipressen van het Westelijk halfrond zitten in het bovenste gearceerde blok.



91. De mediterrane soort *C. sempervirens* behoort samen met andere Afrikaans/Euraziatische soorten tot "echte" *Cupressus*.

#### Andere criteria

Zoals gezegd heeft cladistische analyse alleen betrekking op gemeenschappelijk voorouderschap. Als een classificatie ons moet informeren over evolutionaire verwantschap zijn we natuurlijk hierin geïnteresseerd maar we zouden een poging moeten doen om de voorouderafstammeling relaties te begrijpen. Wat hiermee wordt bedoeld wordt duidelijk als we kijken naar kenmerktoestanden, die kunnen zijn opeengehoopt op een enkele tak in het cladogram. Het zal voor allen, die de belangrijkste verschillen tussen *Cupressus* en *Juniperus* kennen, duidelijk zijn dat binnen deze fylogenie (cladogram) deze duidelijk op de tak zitten, die leidt naar de drie soorten *Juniperus*. Dit geldt voor wat betreft de morfologie, met name de zaadkegels en zaden, maar het kan even goed voorspeld worden te gelden voor de DNA kenmerktoestanden. Zulke kenmerktoestanden opeengehoopt op één tak, maar niet op andere, vertellen ons niets over fylogenetische verwantschap met andere soorten in de groep. Dit is de reden dat cladisten ze negeren. Echter, ze kunnen ons veel vertellen over de evolutie van kenmerken in de groep als geheel. En inderdaad, wanneer we deze

kenmerken kritisch onderzoeken, zoals Farjon (2005) en referenties daarin hebben gedaan, kunnen we bij de volgende hypothese uitkomen: De basisstructuren in de initiële stadia van de zaadkegels van *Cupressus* en *Juniperus* zijn erg gelijkvormig (alleen het aantal dekschubben en zaden verschilt). Maar gedurende hun ontwikkeling beginnen ze meer en meer uiteen te lopen, en de jeneverbeskegel begint zijn kegelschubben samen te smelten, het weefsel blijft zacht en zet uit, wordt vaak vlezig en wordt een schijnbes, die door vogels graag gegeten wordt, die vervolgens de zaden weer verspreiden. Doelmatigheid afgeleid van deze ontwikkeling leidde tot steeds minder zaden, waardoor veel soorten *Juniperus* er nog maar één hebben. Andere soorten behielden er meer, maar geen heeft er zoveel als de waarschijnlijke voorouder van het geslacht: het geslacht *Cupressus*!

Er is echter een alternatief voor de cladistische manier van classificatie. In een fyletische classificatie beschouwen we zowel gemeenschappelijke afstamming als voorouderafstammeling. Als vogels geleidelijk zijn ontstaan uit bepaalde tweevoetige carnivore dinosauriërs (alleen maar een hypothese) zouden alleen cladisten erop staan dat vogels dinosauriërs zijn. Vogels leer-



92. *Cupressus cashmeriana* is een Aziatische soort die volgens cladisten tot de "echte" *Cupressus* behoort.

den beter te vliegen dan enig andere groep vertebraten en ze waren enorm succesvol en werden extreem divers en ten gevolge hiervan alomtegenwoordig. Ze verschillen hierdoor nu erg van hun voorouders, de dinosauriërs. Op een kleinere schaal is volgens de hypothese, die hier wordt gepresenteerd, *Juniperus* geëvolueerd uit *Cupressus* volgens precies hetzelfde scenario.

In cladistische classificatie tellen dergelijke beschouwingen niet mee; het enige dat er toe doet is gemeenschappelijke afstamming relaties. Ontkennen cladisten dat evolutie zou hebben kunnen plaatsvinden langs deze lijnen? Nee, maar ze zeggen dat het niet relevant is. Met als resultaat dat we potentiële informatie over mogelijke evolutielijnen kwijtraken en daarmee ook de voorspelbaarheid van kenmerktoestanden in verwante groepen. Kenmerkevolutie is relevant en het geval met *Cupressus* en *Juniperus* laat dat zien. Lang voordat deze cladistische onderzoeken werden gedaan en gepubliceerd vermoedden de Duitse taxonoom Thomas Stützel en zijn studenten en ik deze evolutie, op basis van studies van de vroege fases van kegelontwikkeling (gebruikmakend van Scanning Electron Microscopes, die SEM-beelden maken). Deze cladogrammen blijken nu onze hypothese aardig te ondersteunen.

#### Verklaring DNA verschillen

Maar hoe is dan in evolutionaire termen het feit te verklaren dat het DNA laat zien dat de Californische soorten van *Cupressus* nauwer verwant zijn aan *Juniperus* dan aan de Afrikaans/Euraziatische soorten van *Cupressus*? Om dit te verklaren moet iets gezegd worden over de aard van het DNA dat gebruikt is in de analyse. De onderzoekers hebben gekeken naar de volgorde van de "letters" waaruit het DNA is samengesteld. Veel van het DNA is niet-coderend; het neemt geen deel aan de synthese van eiwitten, de bouwstenen van cellen. Dit DNA is niet onderhevig aan natuurlijke selectie. Door natuurlijke selectie, zoals bij wel-coderend DNA, wordt het DNA steeds gezuiverd; schadelijke mutaties, kleine fouten in de code worden weg geselecteerd. Als zulke fouten ontstaan in coderend DNA zullen ze niet gedurende lange tijd doorgegeven worden aan volgende generaties. Maar mutaties in niet-coderend DNA hebben geen effect op de ontwikkeling van het organisme, ze worden behouden en doorgegeven en hopen zich op over lange tijdsperiodes. Door deze geleidelijk opgehoopte verschillen in DNA af te lezen, krijgen we precies het soort kenmerken waarmee

een cladogram te tekenen is. We kunnen nu begrijpen wat er gebeurde. Amerika werd miljoenen jaren geleden afgescheiden van Eurazië, misschien zelfs voor de "afsplitsing" van sommige soorten *Cupressus* en de eerste *Juniperus*. Door deze afscheiding konden op beide continenten mutaties in DNA van *Cupressus* meer en meer uiteenwijken, zonder kans om terug te mengen. Als *Juniperus* zich later afsplitst van *Cupressus* zullen de mutaties als gevolg hiervan een nauwere verwantschap vertonen met de ene groep van *Cupressus* dan met de andere. Zij delen een gemeenschappelijke voorouder, die dichterbij staat. Dat is interessant, maar geen afdoende reden om de classificatie te wijzigen.

#### Conclusie

Mijn conclusie is daarom, dat de hypothese dat *Juniperus* is ontstaan uit *Cupressus* klopt en dat we door kunnen gaan met beide genera te erkennen zoals ze voorheen omschreven zijn. De argumentatie begon door te zeggen dat cladistiek ontwikkeld is voor een systematiek, die meer expliciet rekening houdt met evolutie. De cladistiek heeft dat ook gedaan, maar het gooide enkele evolutionaire baby's weg met het badwater. Methoden die fyletische systematiek toepassen zijn in ontwikkeling (Stuessy, 2009) en zullen gebruik maken van, maar niet gedictieerd worden door, cladistische methodologie. Lang leve *Cupressus* s.l. en *Juniperus*!

#### Dr A. (Aljos) Farjon

Gepensioneerd botanicus Royal Botanic Gardens Kew in Londen

Vertaling vanuit het Engels door Hans Janssen

#### Naschrift van de auteur

Dit artikel werd eerder gepubliceerd in het British Conifer Society Journal 12: 40-45 (2009) and in Conifer Quarterly 26 (4): 12-17 het tijdschrift van de American Conifer Society. Sindsdien hebben nieuwe cladistische studies door Mao et al. in 2010 met meer uitgebreide vertegenwoordiging van taxa en van DNA sequenties een nieuw licht geworpen op deze zaak. Het kan nu ook op cladistische gronden verdedigd worden dat *Cupressus* een enkel genus is, zij het met insluiting van *Xanthoxyparis*. De statistische ondersteuning van dat resultaat was niet sterk, en een volgende analyse zou weer een ander resultaat kunnen geven. Ook om deze redenen was de doorgevoerde naamswijzing voor soorten van Amerikaanse cipressen dus prematuur.

### Bronnen

ADAMS, R.P., J.A. BARTEL & R.A. PRICE (2009): A new genus, *Hesperocyparis*, for the Cupresses of the Western Hemisphere (Cupressaceae) - *Phytologia* 91 (1): 160-185.

BRICKELL, C.D. & AL. (2008): Do the views of users of taxonomic output count for anything? - *Taxon* 57 (40): 1047-1048.

FARJON, A. (2009): A monograph of Cupressaceae and Sciadopitys - Royal Botanic Gardens, Kew.

MAO, K., G. HAO, J. LIU, R.P. ADAMS & R.I. MILNE (2010): Diversification and biogeography of *Juniperus* (Cupressaceae): variable diversification rates and multiple intercontinental dispersals - *New Phytologist* 188: 254-272.

STUESSY, T.F. (2009): *Plant Taxonomy – The systematic evaluation of comparative data* - Second Edition. Columbia University Press, New York.

### Summary

*In the past few years, proposals have been made in an increasing number of molecular-biological studies, to drastically change our views on certain families and genera. This has caused serious concerns in horticulture, because changes in genera can affect nomenclature too. Similar proposals have been made for Cupressus. Since 2004, a small number of American publications have concluded that the genus should be split up. For half of the genus, two different names are already in use since 2006. The authors claim, the overwhelming support of data leave them no other choice but to accept this, and the resulting nomenclature changes. Is this claim justified? Should we split up the genus Cupressus? In this article we argue, that there is no scientific obligation to do so. Even though we are interested in the findings about the degrees of kinship within Cupressus, it gives no reason to change the present description of the genus, as stated in the monograph of Cupressaceae (Farjon, 2005). To justify this decision, some of the assumptions, goals and methods of cladistics (kinship analysis) are explained. Figure 1 shows a cladogram (from Adams et al. 2009) to illustrate this. What are the merits and weaknesses of this modern classification system? Sometimes it seems inevitable to follow the newest phylogenetic insights. This publication attempts to make people consider this first.*