

ALBERO FILOGENETICO TRADIZIONALE DEGLI ANIMALI

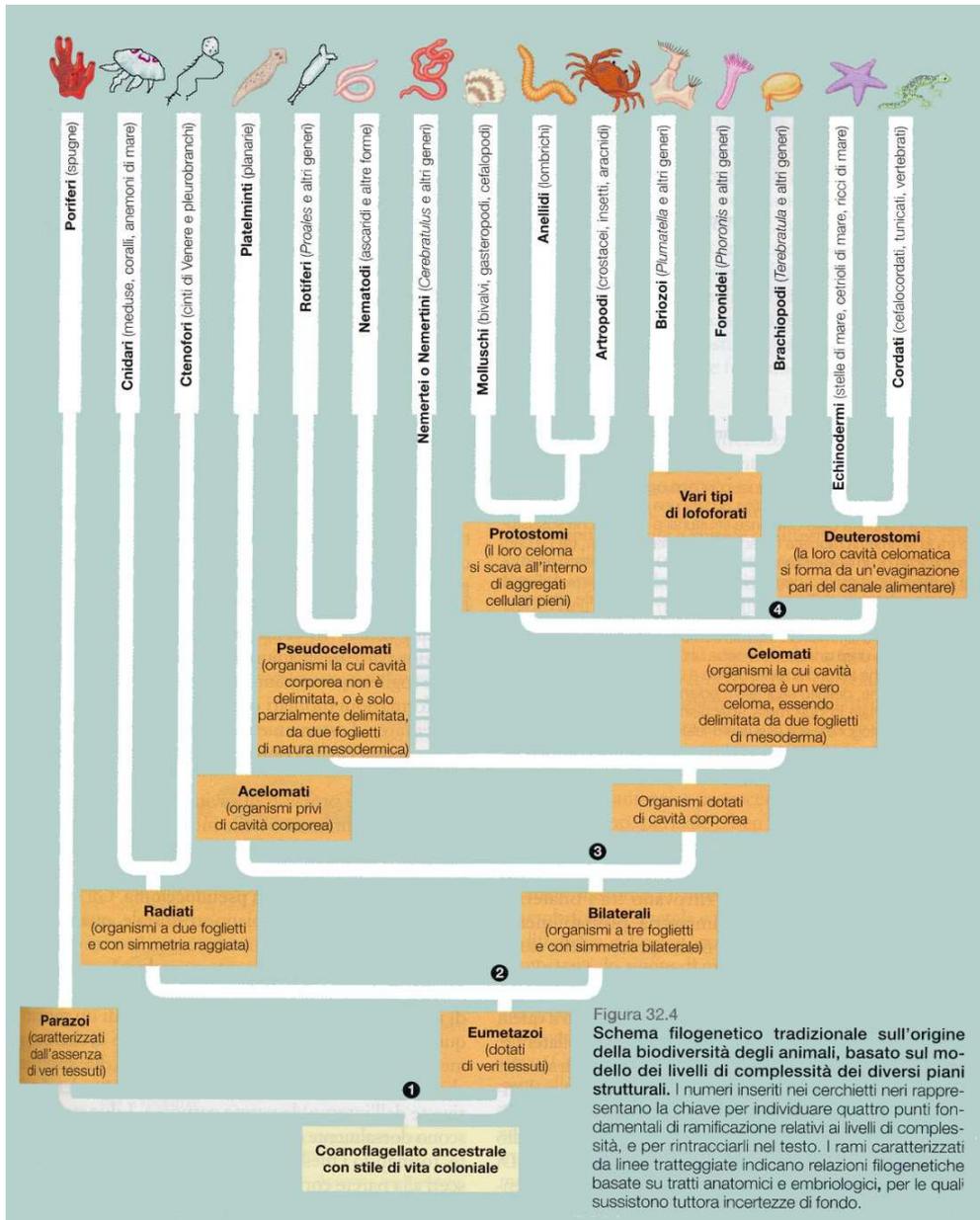
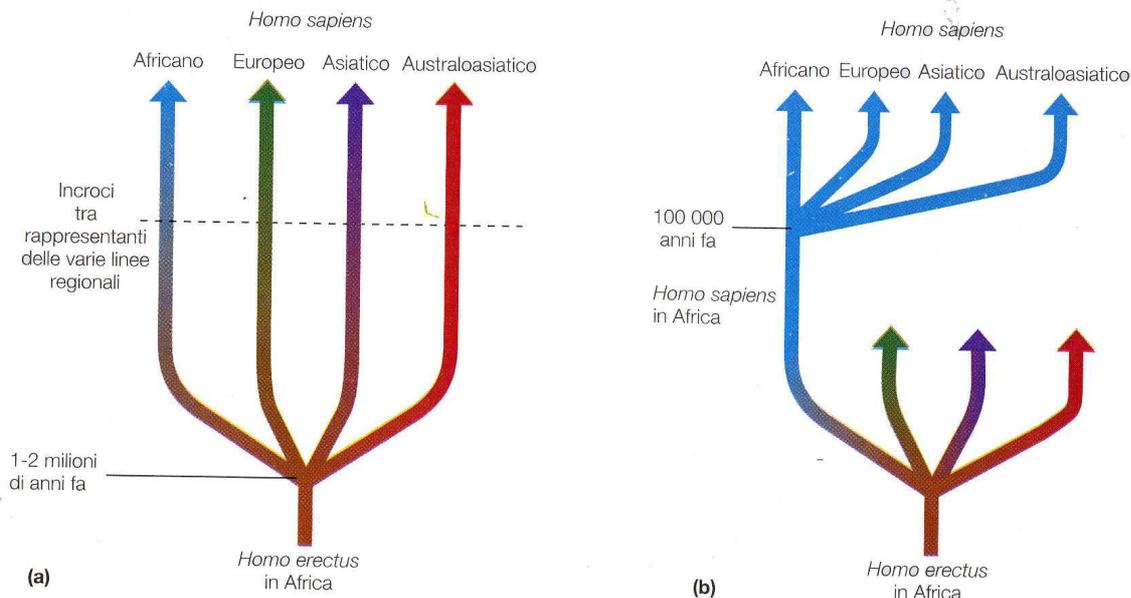


Figura 32.4
Schema filogenetico tradizionale sull'origine della biodiversità degli animali, basato sul modello dei livelli di complessità dei diversi piani strutturali. I numeri inseriti nei cerchi neri rappresentano la chiave per individuare quattro punti fondamentali di ramificazione relativi ai livelli di complessità, e per rintracciarli nel testo. I rami caratterizzati da linee tratteggiate indicano relazioni filogenetiche basate su tratti anatomici e embriologici, per le quali sussistono tuttora incertezze di fondo.

MODELLI SULL'ORIGINE DELL' *Homo sapiens* MODERNO

Entrambi i modelli concordano sul fatto che l'Africa rappresenti la culla dell'umanità: il fossile più antico che testimonia l'esistenza di esseri umani anatomicamente moderni è stato trovato proprio in questo continente e risale a 130.000 anni fa.

Resta invece aperto il dibattito sull'epoca in cui il nostro antenato africano ha iniziato la sua migrazione dalla terra di origine.



(a) = ipotesi/modello **multiregionale o a candelabro**

Tutti gli esseri umani moderni si sono evoluti in parallelo in diverse parti del pianeta a partire da esemplari di *Homo erectus* che dall'Africa hanno migrato 1-2 milioni di anni fa.

(b) = ipotesi/modello “**Out of Africa**” o della **monogenesi** o della **sostituzione**

Una piccola e relativamente isolata popolazione di esseri umani primitivi (*Homo erectus*) si è evoluta nel moderno *Homo sapiens*, e successivamente (circa 100.000 anni fa) si è diffusa con successo dall'Africa in tutto il resto del pianeta, probabilmente rimpiazzando tutte le altre popolazioni umane allora esistenti.