

Le scuole sistematiche contemporanee

Stefania Consigliere

Dipartimento di Scienze Antropologiche
Università degli Studi di Genova
Via Balbi 4
16126 Genova
email: stefania@disa.unige.it

1. Dalla *pars destruens* alla *pars construens*

Nella puntata precedente abbiamo descritto alcuni degli strumenti concettuali elaborati nella prima metà del Novecento nella zona di confluenza fra teoria dell'evoluzione e sistematica e abbiamo accennato alle critiche che, verso la fine degli anni Cinquanta, vennero rivolte alla vecchia impostazione tassonomica, i cui metodi e i cui presupposti erano in effetti rimasti per lungo tempo immutati. Gli arnesi ammassati in modo un po' rapsodico la volta scorsa torneranno ora utili nella presentazione – un po' storica, un po' filosofica – delle diverse scuole tassonomiche contemporanee.

Nell'intento di dotare la tassonomia di uno statuto epistemologico ben fondato (ciò che prevede, come si è detto, che le procedure siano formalizzate e i risultati controllabili), coloro che avevano criticato la vecchia impostazione fondarono la prima delle nuove scuole tassonomiche, la cosiddetta *tassonomia numerica*. A questa prima corrente fece seguito quella detta del *cladismo*, mentre la vecchia guardia costituiva la corrente detta dell'*evoluzionismo sistematico*. Infine, verso la fine degli anni Settanta la discussione interna agli ambienti del cladismo portò alla definizione di un'ultima scuola, detta del *cladismo trasformato*.

2. La tassonomia numerica

La scuola della tassonomia numerica (nota in ambiente anglosassone come *phenetics*) fa risalire la propria storia ad Adanson, un contemporaneo di Linneo che nella sua opera *Familles des plantes* (1), per dimostrare la futilità delle classificazioni artificiali, ne aveva prodotte sessantacinque, ognuna basata su un diverso carattere.

La sua fondazione si deve a una serie di articoli pubblicati alla fine degli anni Cinquanta da tre gruppi di ricercatori: Michener e Sokal (2) della University of Kansas, Cain e Harrison (3) della University of Oxford, e Sneath (4) della University of Leicester. La definizione della disciplina e i successivi sviluppi si devono in particolare alla collaborazione fra Sneath e Sokal (5).

Principi e metodi tassonomici

L'obiettivo principale della tassonomia numerica consisteva nella formalizzazione delle procedure tassonomiche. Gli assunti su cui si basa sono i seguenti:

1. le migliori classificazioni risultano dalle analisi basate sul maggior numero possibile di caratteri;
2. almeno all'inizio, a ogni carattere dev'essere attribuito lo stesso peso;
3. le classificazioni sono basate su misure quantitative della somiglianza generale (fenetica) fra i gruppi in analisi.
4. i pattern di correlazione dei caratteri possono essere usati per distinguere gruppi diversi e per formulare inferenze sistematiche.

L'idea di base è molto semplice: quanto più due specie sono simili, tanto più è probabile che siano imparentate. *La somiglianza generale fornisce una tassonomia.*

La somiglianza generale è calcolata prendendo in considerazione quanti più caratteri possibile e proprio l'alto numero di caratteri dovrebbe garantire un processo non influenzato dalla soggettività del ricercatore. Questa procedura discende dall'ipotesi secondo cui analizzando un numero sufficientemente grande di caratteri, per ogni nuova aggiunta il guadagno informativo e il cambiamento nella misura della somiglianza diminuiscono, stabilizzandosi o raggiungendo un asintoto, ciò che, peraltro, dovrebbe altresì mettere al riparo da eventuali deviazioni dovute ad analogie. I caratteri ritenuti validi per l'analisi, pertanto, non sono solo quelli morfologici, ma anche quelli fisiologici, chimici, comportamentali e perfino ecologici.

L'albero tassonomico che risulta dalle procedure della tassonomia numerica è detto *fenogramma* e indica graficamente quanto le specie analizzate siano simili fra loro. La maggior parte dei metodi sviluppati o adottati riguardano il calcolo della distanza basata sulle somiglianze e dissomiglianze fra gruppi, e appartengono quindi alla classe delle matrici di distanza.

Principi di ricostruzione filogenetica

I tassonomi numerici hanno detto fin da subito a chiare lettere che un fenogramma non rappresenta di per sé una filogenesi; nondimeno, i fenogrammi sono spesso stati letti come alberi filogenetici. Resta il fatto che analogia e omologia – vera e falsa somiglianza – sono concetti estranei alla tassonomia numerica, dal momento che, per raggruppare le specie, si tiene conto di ogni possibile carattere e di ogni possibile somiglianza, indipendentemente dal suo essere ancestrale o derivata (6): a tutti i caratteri è attribuito il medesimo valore informativo ed è solo la raccolta del maggior numero possibile di caratteri che garantisce statisticamente l'affidabilità del fenogramma. Inoltre, la tassonomia numerica non si cura della distinzione tra micro- e macro-evoluzione.

Problemi e critiche

L'impostazione della tassonomia numerica è stata oggetto di numerose critiche, collegate fra loro dal tema della presunta «naturalità» della classificazione risultante.

Una prima obiezione riguarda la mancanza di senso di una classificazione che sia dichiaratamente non evolutiva: se la tassonomia non riflette la filogenesi ma solo la somiglianza fra gruppi di specie, occorre prima dimostrare che la somiglianza è una caratteristica naturale e ordinabile del mondo vivente. Questa obiezione sarebbe parzialmente superata accettando di svincolare il metodo della tassonomia dalla teoria dell'evoluzione e di mantenere concettualmente separate tassonomia e biologia evolutiva (è chiaro però che si tratta di una soluzione per molti aspetti inaccettabile e che sembra far ripiombare la tassonomia nei secoli pre-darwiniani).

Ma anche ammesso che la somiglianza fra i gruppi sia giustificabile (dal punto di vista evolutivo o anche solo per ragioni estetiche – il rasoio di Occam insegna), un secondo problema deriva dall'arbitraria suddivisione dei caratteri operata dalla tassonomia numerica. Se si guarda all'organismo da punti di vista diversi, caratteri che sembravano separati si fondono insieme e viceversa: risulta quindi ancora una volta determinante la scelta del ricercatore. Questa procedura finisce perciò col riproporre, ignara, quegli stessi problemi legati alla soggettività del ricercatore che la tassonomia numerica si era proposta di eliminare.

Infine, è stato fatto notare come la consistenza del metodo (e quindi la verificabilità dei risultati) non dipenda solo dalla scelta caratteri, ma dal fatto che viene impiegata nella mediazione sempre la stessa procedura statistica, imposta soggettivamente dai tassonomi all'insieme di caratteri in analisi.

3. Il cladismo

Se la fondazione della tassonomia numerica è opera comune di più ricercatori che lavoravano, dapprima in modo quasi indipendente, allo stesso progetto, l'origine del cladismo è invece associata a un solo nome, quello di Willi Hennig. Il suo lavoro principale, *Grundzüge einer Theorie der phylogenetischen Systematik*, fu pubblicato per la prima volta in Germania nel 1950 e passò allora quasi inosservato (7). Quindici anni più tardi Hennig pubblicò in inglese un articolo in cui presentava le sue intuizioni sulla classificazione (8); l'anno seguente fu tradotta in inglese e pubblicata negli Stati Uniti una versione riveduta del suo *Grundzüge* (9): da quel momento, il mondo scientifico anglosassone accolse e sviluppò le idee di Hennig, facendone l'asse stesso del lungo dibattito sulla filosofia della sistematica.

La *querelle* sollevata dal cladismo ha attratto nomi famosi, sia fra gli scienziati che fra i filosofi e gli storici della scienza (10); secondo alcuni, poi, il cladismo sarebbe destinato, nel prossimo futuro, a portare a una fondazione della sistematica e della biologia pari a quelle che sono state date alla matematica e alla fisica.

Principi e metodi tassonomici

L'assunto fondamentale del cladismo è semplice ed elegante: negli organismi sessuati la diversificazione durante l'evoluzione è dovuta alla speciazione; perché una specie (o un qualunque gruppo appartenente a qualsiasi livello gerarchico della tassonomia) sia sistematicamente valida, deve avere almeno un carattere che la distingue da tutte le altre specie (o da tutti gli altri gruppi dello stesso livello gerarchico). Detto altrimenti, la tassonomia deve rispecchiare la filogenesi.

I gruppi di specie e i livelli gerarchici della tassonomia vengono definiti a seconda del grado di parentela, definito dalla distribuzione delle omologie derivate, e non già sulla base delle somiglianze (come nella tassonomia numerica) o della comune percezione (come nel caso, che vedremo fra poco, dell'evoluzionismo sistematico). Per poter allineare tassonomia e filogenesi il cladismo ha condotto una ricerca teorica assai accurata su omologia e analogia e ha sviluppato un particolare vocabolario tecnico.

I principi tassonomici del cladismo sono i seguenti:

1. La gerarchia naturale è decifrabile ed efficacemente rappresentata da un diagramma ad albero.
2. In corrispondenza di differenti livelli gerarchici alcuni caratteri (almeno uno) mutano il loro stato. I caratteri che all'interno di un gruppo in analisi sono presenti in tutti i membri del gruppo, o che hanno una distribuzione più ampia del gruppo stesso (detti *caratteri plesiomorfi*), non sono indicativi delle relazioni filogenetiche all'interno del gruppo.
3. La congruenza dei caratteri è il criterio decisivo per distinguere l'omologia (detta *sinapomorfia*) dalla non omologia (detta *omoplasia*).
4. Il principio di massima parsimonia ottimizza la congruenza dei caratteri.

Tutti i raggruppamenti di specie e di gruppo (*cladogrammi*) devono esser visti come ipotesi di relazioni evolutive. Come si possa tradurre un cladogramma in una classificazione è punto discusso; su un tema, comunque, i cladisti sono unanimi: tutti i gruppi tassonomici, per essere validi, devono essere rigorosamente monofiletici. La classificazione adoperata è evidentemente quella di tipo filogenetica nella sua forma più rigorosa.

Il metodo principe del cladismo è quello di massima parsimonia, versione contemporanea del medievale rasoio di Occam: la distribuzione dei caratteri nelle specie viventi dev'essere spiegata col minor numero possibile di trasformazioni evolutive.

Principi di ricostruzione filogenetica

Come già detto, l'idea originale fatta propria dal cladismo è quella secondo cui i cladogrammi e la classificazione tassonomica devono avere la stessa topografia e identiche gerarchie. I nodi interni dei cladogrammi rappresentano gli antenati comuni alle diverse specie discendenti poste sui nodi terminali.

Gli unici caratteri che possono essere adoperati nella ricostruzione filogenetica sono le omologie derivate condivise dai gruppi in analisi. Di conseguenza, e come previsto dai principi tassonomici, gli unici gruppi riconosciuti come validi sono quelli monofiletici: i gruppi parafiletici e quelli polifiletici devono essere eliminati. Per citare un esempio famoso, i tassonomi cladisti hanno proposto l'eliminazione del gruppo parafiletico dei rettili, che, secondo la definizione dei testi sistematici classici, comprende lucertole e coccodrilli ma esclude gli uccelli. Uccelli e coccodrilli hanno infatti fra loro un antenato più recente dell'antenato comune a tutti e tre i gruppi: la maggior somiglianza fenotipica di coccodrilli e lucertole non deve far perdere di vista la sequenza evolutiva.

Problemi e critiche

Sebbene anche il cladismo sia stato variamente criticato, i suoi principi sono quelli che, alla lunga, sono risultati meglio strutturati e più solidi.

L'evoluzionismo sistematico (v. oltre) ha rimproverato al cladismo un eccessivo puritanesimo: scartare le omologie ancestrali porta infatti a ritenere del tutto insignificanti le somiglianze fenetiche fra specie imparentate. Un secondo punto, tutt'altro che irrilevante dal punto di vista della quotidiana pratica tassonomica, riguarda l'eccessiva complicazione delle classificazioni cladiste, che per rendere ragione della distribuzione dei caratteri sono costrette a introdurre un numero enorme di livelli gerarchici.

Un terzo problema riguarda l'omologia: dal momento che non esistono leggi evolutive che possano far prevedere la distribuzione dei caratteri, le omologie dalle quali si cerca di ricavare una filogenesi devono essere a loro volta precedentemente confermate da conclusioni riguardo a relazioni filogenetiche. In altre parole, la somiglianza fenetica che il cladismo fa uscire dalla porta dei principi rientra poi dalla finestra del metodo.

4. L'evoluzionismo sistematico

L'evoluzionismo sistematico è nato dalla trasformazione della vecchia guardia di tassonomi e sistematici che, presi fra i due fuochi del cladismo e della tassonomia numerica, hanno cercato una terza via. A questa scuola appartengono alcuni dei nomi più celebri della biologia evolutiva, fra cui Mayr, Simpson e Dobzhansky (11, 12, 13).

Principi tassonomici

L'evoluzionismo sistematico propone un approccio eclettico ai metodi di classificazione elaborati dal cladismo e dalla tassonomia numerica. Cercando di evitare le eccessive purezze dei due sistemi, esso si pone in una via di mezzo che dovrebbe, in teoria, evitare i problemi che i due approcci incontrano singolarmente e mantenerne congiuntamente i vantaggi.

I principi tassonomici non sono altrettanto schematici quanto quelli delle scuole presentate sopra. Per quanto riguarda la classificazione, l'evoluzionismo sistematico prescrive che siano usati due gruppi di dati ugualmente rilevanti: quelli riguardanti la filogenesi e quelli riguardanti la divergenza fenetica. Le classificazioni devono quindi rispecchiare la storia filogenetica dei gruppi, ma anche fornire informazioni sulla distanza fenetica, e cioè su quanto i gruppi si siano differenziati *dopo* la separazione. Caso paradigmatico è quello già citato del gruppo formato da lucertole, uccelli e coccodrilli: pur ammettendo, con il cladismo, che uccelli e coccodrilli sono filogeneticamente più affini di quanto entrambi lo siano con le lucertole, pure la «quantità di differenziamento» degli uccelli, che li rende dissimili tanto dalle lucertole quanto dai coccodrilli, giustifica la loro separazione tassonomica. Di converso, la scarsità di mutamenti evolutivi che rendono fenotipicamente simili coccodrilli e lucertole giustifica la loro classificazione nel gruppo parafiletico dei rettili.

Principi di ricostruzione filogenetica

L'evoluzionismo sistematico distingue l'evoluzione convergente (e cioè l'analogia – o falsa somiglianza – in linee che non hanno un antenato comune); l'evoluzione parallela (caratteri che si evolvono in modo indipendente in due o più linee con un antenato comune); e la cosiddetta *identity by descent* (e cioè l'omologia, o vera somiglianza).

Omologia e analogia sono distinte in maniera accurata e solo la prima può essere usata nella ricostruzione filogenetica (sebbene la seconda sia talvolta usata nella costruzione delle tassonomie). Non operando tuttavia alcuna distinzione fra omologia ancestrale e derivata, l'evoluzionismo sistematico riconosce sia i gruppi monofiletici che quelli parafiletici (escludendo tuttavia quelli polifiletici), sulla base del fatto che due gruppi possono differire molto fra loro (e un gruppo può evolvere molto più rapidamente di un altro) una volta avvenuta la separazione.

I temi della micro- e macro-evoluzione sono trattati attraverso l'elaborazione di modelli di speciazione. Ad ogni modo, all'interno del modello classico neo-darwiniano cui l'evoluzionismo sistematico è assai legato, la macroevoluzione è reputata spiegabile senza il ricorso a tipi straordinari di selezione: variazione, mutazione e selezione naturale sono sufficienti a spiegare l'intero albero tassonomico.

Problemi e critiche

Poiché l'evoluzionismo sistematico nasce in reazione alle altre due scuole, buona parte dei concetti e dei metodi che impiega erano già stati sviluppati prima degli anni Sessanta e sono stati tutto sommato poco toccati dalla discussione sulla filosofia della sistematica. Proprio per questa ragione, esso si è attirato le critiche incrociate della tassonomia numerica e del cladismo.

Per riassumerle, si può dire che in generale l'evoluzionismo sistematico è stato accusato di incoerenza. Ad esempio è stato fatto rilevare come gli argomenti da esso accettati contro i gruppi polifiletici (esclusi dalla classificazione) funzionino alla stessa maniera anche contro i gruppi parafiletici (accettati per la classificazione), in quanto

entrambi i tipi di gruppi sono definiti feneticamente. Quindi, o li si accetta entrambi, come nella tassonomia numerica, o li si rifiuta entrambi, come nel cladismo.

5. Il cladismo trasformato

Un'evoluzione recente del cladismo è il cosiddetto cladismo trasformato, che semplifica ulteriormente e rende ancor più rigorosi i principi che sono già del cladismo (14, 15, 16). Esso nasce negli anni Ottanta più dalle discussioni che avevano accolto la nascita del cladismo e accompagnato il suo sviluppo che da problemi effettivi di laboratorio o di ricerca, e sotto le insegne di una precisa consapevolezza filosofica ed epistemologica. Proprio per questo, il cladismo trasformato è al contempo una delle migliori costruzioni epistemologiche prodotte all'interno della sistematica, ma anche, a livello pratico di ricostruzione delle filogenesi e di composizione tassonomica, un sistema all'interno del quale è molto difficile muoversi.

Principi tassonomici

Il «transformed cladistics» è il cladismo ridotto a soli tre assiomi:

1. gli organismi (o quantomeno le specie) sono ordinati in una gerarchia divergente e inclusiva;
2. un gruppo tassonomico, a qualunque livello, è definito da caratteri unici (sinapomorfie) e riconoscibili in tutti i membri del gruppo; questi caratteri formano una gerarchia isomorfa a quella degli organismi;
3. la conoscenza della storia evolutiva, così come le classificazioni, derivano dalla distribuzione di caratteri così ipotizzata.

Principi di ricostruzione filogenetica

Il cladismo trasformato lamenta che la procedura costante delle teorie evolutive consista in tre passi organizzati come segue:

- (a) ricostruzione di alberi filogenetici
- (b) elaborazione di teorie sui meccanismi evolutivi
- (c) spiegazione di (a) in termini di (b)

Questo porterebbe alla composizione di «just so stories» evolutive, non scientifiche (17). La mossa logica del cladismo trasformato consiste allora nel separare completamente la conoscenza tassonomica da quella evolutiva: si costruiranno dunque alberi tassonomici e filogenetici semplicemente studiando la distribuzione dei caratteri rilevanti; indipendentemente da questi, si elaboreranno teorie dei processi evolutivi; e alla fine, dato che le filogenesi e le tassonomie sono relativamente sicure rispetto alle teorie dei processi evolutivi, si confermeranno le seconde attraverso i primi.

Problemi e critiche

Trattandosi di un'estremizzazione dei principi cladisti, il cladismo trasformato ha incontrato le stesse resistenze già incontrate dal cladismo. Inoltre, è stato fatto notare che la definizione delle analogie e delle omologie nella ricostruzione tassonomica dipendono comunque da precedenti conoscenze sulla filogenesi delle specie in questione, ciò che inficia il principio di totale indipendenza della tassonomia dalla teoria dell'evoluzione.

A questo però i «cladisti trasformati» hanno opposto una semplice osservazione: per giustificare la costruzione di tassonomie e filogenesi basta ipotizzare che un'evoluzione di tipo darwiniano ci sia stata; ciò che viene testato attraverso le filogenesi non è la teoria evolutiva generale, bensì i diversi modelli di speciazione ed evoluzione che all'interno di essa possono essere costruiti.

Ad ogni modo resta il problema, non secondario, dell'estrema difficoltà d'uso dei principi del cladismo trasformato nella pratica tassonomica e filogenetica quotidiana.

6. Vincitori e vinti

Le impostazioni epistemologiche delle diverse scuole sono dunque assai diverse e talora perfino divergenti – ciò che rende lo studio della tassonomia e della sistematica filosoficamente molto stimolante –, e ci si può a questo punto legittimamente interrogare su quale sia l'approccio sistematico da preferirsi.

Numerose pubblicazioni hanno in anni recenti proposto analisi raffinate dei problemi e dei punti di forza di ciascuna scuola (18, 19), concludendo di solito con un richiamo alla prudenza e con un invito a provare diversi metodi. L'esperienza personale di chi scrive, ad esempio, confortata in ciò da voci ben più autorevoli, indica che a volte, nonostante premesse radicalmente diverse, l'applicazione di procedure diverse al medesimo insieme di dati produce risultati sorprendentemente simili. In altre parole, i diversi sistemi derivanti da diverse impostazioni sembrano convergere nei risultati o quantomeno produrre classificazioni largamente confrontabili. Al di là delle preferenze personali per l'una o l'altra scuola, quindi, l'applicazione ai dati di metodi diversi e la non preclusione verso sistemi alternativi si rivela essere, in questo campo, un atteggiamento scientificamente avveduto.

D'altra parte, è bene tenere sempre saldo in testa un fatto fondamentale: i modelli scientifici sono, appunto, dei *modelli*, e cioè degli strumenti, non già delle descrizioni inoppugnabili dello stato delle cose nel mondo. Il fatto che approcci scientifici diversi convergano nei risultati, lungi dal trasformarsi in una lotta fra modelli, dovrebbe suggerire agli spiriti accorti che molte sono le strade che conducono in cima alla montagna...

Fra le quattro scuole tassonomiche viste poc'anzi il cladismo è oggi senz'altro quella egemone e, a seguito della sua innegabile consistenza filosofica, ha di fatto oscurato tutti gli altri approcci. Nondimeno, come già si diceva, spesso dai problemi delle teorie

scientifiche si può imparare almeno quanto dai successi – e per fortuna, nel mondo naturale come in quello scientifico, la direzione futura dell'evoluzione è del tutto imprevedibile.

Bibliografia

- (1) Adanson M., 1763. *Familles des plantes*. Paris: Vincent.
- (2) Michener C.D. & Sokal R.R., 1957. A quantitative approach to a problem in classification. *Evolution* 11: 130-62.
- (3) Cain A.J. & Harrison G.A., 1958. An analysis of the taxonomist's judgement of affinity. *Proceedings of the Zoological Society of London*, 131: 85-98.
- (4) Sneath P.H.A, 1957b. The application of computers to taxonomy. *Journal of General Microbiology* 17: 201-26.
- (5) Sneath P.H.A & Sokal R.R., 1973. *Numerical taxonomy: the principle and practise of numerical classification*. San Francisco: W.H.Freeman
- (6) Panchen A.L., 1992. *Classification, evolution, and the nature of biology*. Cambridge: Cambridge University Press.
- (7) Hennig W., 1950. *Grundzüge einer Theorie der phylogenetischen Systematik*. Berlin: Deutscher Zentralverlag.
- (8) Hennig W., 1965. Phylogenetic systematics. *Annual Review of Entomology* 10: 97-116.
- (9) Hennig W., 1966. *Phylogenetic systematics*. Traduzione di D.D.Davis e R. Zangerl. Urbana, Ill: University of Illinois Press.
- (10) Hull D., 1979. The limits of cladism. *Systematic Zoology* 28: 416-440.
- (11) Dobzhansky T., 1970. *Genetics of the evolutionary process*. New York: Columbia University Press.
- (12) Mayr E., 1963. *Animal species and evolution*. Cambridge, Mass.: Harvard University Press.
- (13) Mayr E., 1969. *Principles of systematic zoology*. New York: McGraw-Hill.
- (14) Platnick N.I., 1980. Philosophy and the transformation of cladistics. *Systematic Zoology* 28: 537-546.
- (15) Eldredge N. & Cracraft J., 1980. Phylogenetic patterns and the evolutionary process. Method and theory in comparative biology. New York: Columbia University Press, 1980.
- (16) Nelson G. & Platnik N., 1981. *Systematics and biogeography: cladistics and vicariance*. New York: Columbia University Press.

- (17) L'espressione è presa a prestito dal titolo di un libro di Kipling, *Just so stories*, appunto, e può essere tradotta in italiano come «storielle, storie un po' così». Quando in biologia si parla di «just so stories» s'intendono tutte quelle spiegazioni evolutive apparentemente sensate ma in realtà prive di qualsiasi riscontro o prova fattuale. Per fare un esempio famoso, si sente spesso dire che antenati di *Homo sapiens* avrebbero cominciato a camminare su due gambe al fine di poter guardare più lontano in ambiente di savana: ipotesi plausibile e perfino simpatica – ma priva tanto di riscontri obiettivi quanto di coerenza evolutiva.
- (18) Sober E., 1988. *Reconstructing the past. Parsimony, evolution, and inference*. Cambridge (Mass.): The MIT Press.
- (19) Sober E., 1993. *Philosophy of biology*. Oxford: Oxford University Press.

Questo documento è pubblicato sotto licenza **Creative Commons Attribuzione-Non commerciale 2.5**; può pertanto essere liberamente riprodotto, distribuito, comunicato al pubblico e modificato; la paternità dell'opera dev'essere attribuita nei modi indicati; non può essere usata per fini commerciali. I dettagli legali della licenza sono consultabili alla pagina <http://creativecommons.org/licenses/by-nc/2.5/it/deed.it>

