

**“СОВРЕМЕННЫЕ ПРОБЛЕМЫ БИОЛОГИЧЕСКОЙ СИСТЕМАТИКИ” / Под ред. Алимова А.Ф., Степаньянц С.Д.  
Тр. Зоол. ин-та РАН, Прилож. № 2. 2013. СПб: Т-во науч. изд. КМК. 269 с.**

© 2014 г. И. Я. Павлинов

*Зоологический музей МГУ  
125009 Москва, ул. Б. Никитская, 6  
e-mail: igor\_pavlinov@zmmu.msu.ru*

Поступила в редакцию 07.11.2013 г.

Рецензируемая книга – сборник статей, подготовленных на основании докладов, которые были представлены на конференции “Современные проблемы биологической систематики” (Санкт-Петербург, май 2011г.): это объясняет название книги. Как написано в Предисловии к ней (А.Ф. Алимов), конференция “была призвана обсудить теоретические основания биологической систематики” (с. 4). Как участник названной конференции, могу с сожалением констатировать, что теоретические основания систематики на ней почти не рассматривались: из более чем 20 докладов лишь 4–5 были действительно посвящены теоретическим вопросам этой биологической дисциплины. И сборник данное обстоятельство в полной мере отражает и даже усугубляет: в нём представлена только одна (*sic!*) статья (за авторством А.П. Расницына), соответствующая “титulyной” тематике. Остальные статьи (всего их 15) касаются главным образом методологии и методов новейшей (в основном молекулярной) филогенетики, разработки конкретных филогенетических схем и основанных на них классификаций, а также практических вопросов таксономической номенклатуры и диагностических систем.

Ключевой раздел книги “Систематика: развитие идей” служит хорошей иллюстрацией сказанного: из четырёх включённых в него статей в названиях трёх значится филогенез. Открывает этот раздел (а тем самым и всю книгу) статья В.В. Алёшина “Филогения беспозвоночных в свете молекулярных данных...”. В ней даётся весьма содержательный обзор новейших гипотез о родственных связях между основными подразделениями эукариотных организмов, установленных главным образом по молекулярно-генетическим структурам. Автор обращает особое внимание на те детали молекулярного “дерева жизни”, одни из которых ему представляются наиболее обоснованными,

а другие относятся к разряду ещё не прояснённых, в том числе из-за существенных расхождений с морфологическими данными. Современные представления об основных группах Eukaryota сведены в две аннотированные таблицы, которые показывают современное состояние дел в филогенетике всей этой обширнейшей группы.

С теоретической точки зрения (к каковой обязывает название сборника) наиболее примечательным аспектом данной статьи, являются не конкретные результаты молекулярно-филогенетических исследований, пусть и весьма значительные, а те декларации автора, которые раскрывают отношение многих “молекулярщиков” к филогенезу и филогенетике, а через это и к собственно систематике. Принятое (по молчаливому допущению) сведение систематики к филогенетике, а филогенеза – к схеме генеалогических связей, выявляемых на основании молекулярно-генетических данных соответствующими статистическими методами, даёт В.В. Алёшину основание признавать за традиционной систематикой лишь “историческое значение”, утверждать реально достижимую возможность “достоверного установления” некоего “истинного филогенеза” и соответственно предсказывать скорое “завершение филогенетики как науки” (тезис вынесен в название статьи). К этому пророческому тезису В.В. Алёшина я специально обращаюсь в завершающей части настоящей рецензии; пока же просто отмечу, что, учитывая только что указанную исходную позицию автора, его декларацию следует “делить на десять” и понимать, что речь идёт не о филогенетике в целом, а лишь о численной генофилетике (= филогеномике), приближающейся к исчерпанию своего творческого научного потенциала. Стоит ли после этого удивляться тому, что, как признаёт В.В. Алёшин, у его коллег по молекулярно-филогенетическому цеху исследова-

ния превращены в конвейерное производство схем-“однодневок”, а “отчёт по гранту ставится выше научной щепетильности” (с. 13). Согласитесь, в такой оценке есть что-то “унтерофицерско-вдовье”...

Только что рассмотренный материал дополняет статья В.А. Лухтанова “Принципы реконструкции филогенезов...”, в которой кратко рассмотрены методы филогенетических реконструкций. Очень сжато (в двух абзацах) изложен метод геккелевой филогенетики, несколько подробное – хеннигова “ручная” кладистика, основное внимание уделено современным количественным техникам. Среди последних обсуждаются методы парсимонии (экономии), наибольшего правдоподобия, “байесова филогенетика”, использование генетических дистанций. Справедливо отмечается, что одним из важных достоинств метода наибольшего правдоподобия (включая байесов алгоритм) является оперирование так называемыми эволюционными моделями, включающими анализ переходных вероятностей при построении признаковых деревьев.

Статья Е.Г. Потаповой “Морфо-биологический подход в филогенетике...” представляет собой достаточно удачную попытку формулирования методологических оснований обозначенного в её названии филогенетического подхода. Автор кратко разбирает базовый понятийный аппарат классической филогенетики, обрисовывает специфику морфо-биологического подхода, основанного на только что упомянутых “эволюционных моделях”, но выстраиваемых в адапционистском ключе и потому не столь формальных. Соответственно этому особое внимание уделяется обоснованию “правомочности филогенетических реконструкций на основе анализа адаптаций” (с. 57). В отличие от редуцированного молекулярно-филогенетического подхода, рассматриваемый в данной статье базируется на холистическом понимании сложных морфофункциональных узлов и требует их тщательного структурного и функционального анализа, что подразумевает виртуозное владение морфологическим материалом. Е.Г. Потапова излагает общий алгоритм филогенетической реконструкции в рамках рассматриваемого подхода и подчёркивает, что этот последний имеет отношение главным образом к семо- и анагенетической составляющим филогенеза, тогда как его значение для анализа кладогенетической составляющей не столь велико.

Статья А.П. Расницына “Методология классификации: подходы Прокруста, Платона и Линнея” начинается выделением двух схем аргументации,

доминировавших до недавнего времени в систематике, – дедуктивной и индуктивной. Согласно Расницыну, использующему терминологию Линнея, в первой схеме (обозначена как “подход Платона”) “род даёт признаки”, во второй (обозначена как “подход Прокруста”) “признаки дают род”. От себя уточню: Аристотель в книге “О частях животных” критиковал Платона за его именно “прокрустов” (в терминологии Расницына) подход и призывал идти от “природы” организмов, а не от условных бинарных признаков, делящих логические роды на логические же виды (Аристотель, 1937). Так что подход, который автор рассматриваемой статьи приписывает Платону, правильнее, на мой взгляд, считать проявлением аристотелизма (в его исходном, а не схоластическом содержании) в систематике. Завершается статья кратким изложением таксономической концепции, который разрабатывает сам А.П. Расницын под названием “филистика” или (в данной статье) “метод монофилетического континуума”. В принятой автором терминологии его концепция тяготеет к “подходу Платона”, среди современных доктрин более всего похожа на “эволюционную таксономию” Симпсона–Бока, методологически ориентирована на гипотетико-дедуктивную схему аргументации. В качестве некоего дополнения к авторскому изложению филистики хотелось бы отметить, что “континуальность” таксонов должна выполняться, очевидно, лишь для признаков, с помощью которых обосновывается монофилия; прочие признаки могут этому условию не соответствовать.

Раздел “Филогенез, онтогенез и систематика” (три статьи) открывает небольшая статья А.О. Аверьянова “Значение ископаемых для реконструкции филогении”. В ней подчёркивается непреходящее значение палеонтологии для филогенетических реконструкций (было бы странно ожидать иное от палеонтолога). Более того, утверждается, что поскольку биота Земли вступает в очередной период массовых вымираний, это значение будет лишь возрастать. Статья “Гибридизация, видообразование и систематика животных” (Л.Я. Боркин, С.Н. Литвинчук) посвящена подробному разбору межвидовой гибридизации, её роли в видообразовании и систематике. Представлены классификации категорий гибридизации и гибридных зон, их генетической и пространственной структуры, интрогрессии генов, механизмов формирования и поддержания гибридных зон, их стабильности и подвижности. Среди вопросов, имеющих прямое касательство к проблематике сборника, затронуты использование межвидовой гибридизации при определении

границ между таксонами рангом от вида до рода и трибы. В статье О.С. Воскобойниковой “Использование признаков ранних стадий развития в реконструкции филогении и систематике...” рассмотрены некоторые методологические вопросы “онтогенетического метода”, восходящего к классическому “методу тройного параллелизма”. В частности, обсуждается состоятельность одного из “законов Бэра”, согласно которому генерализованные признаки в онтогенезе предшествуют специализированным (здесь разбираются точки зрения Куэйроса и Мэйби, но не упомянут Нельсон). В качестве приложения названного метода кратко рассмотрены исследования по некоторым семействам костистых рыб.

В разделе “Проблемы систематики отдельных таксонов” (четыре статьи) представлены обзоры версий филогенеза и филогенетической системы насекомых (“Обзор современных представлений о системе класса насекомых”, С.Ю. Синёв) и птиц (“Система птиц... в начале XXI века”, Н.В. Зеленков), базальной радиации одноклеточных эвкариот (“Простейшие, протисты и протоктисты”, А.О. Фролов, А.Ю. Костыгов), надвидовых группировок в роде *Rosa* (“Филогения и систематика недавно дивергировавших групп...”, И.А. Шанцер). В этих статьях я не заметил особого пиетета перед молекулярно-генетическими методами: авторы достаточно взвешенно подходят к оценке состоятельности тех или иных гипотез невзирая на то, по каким фактологическим основаниям они разрабатываются. При этом неизменно подчёркивается, что филогенетические схемы весьма и весьма далеки от завершений, что желателен комплексный подход на основании комбинирования разных категорий данных. Последний тезис особенно чётко формулируется в статье С.Ю. Синёва: рассматривая существующие концепции, он считает особо актуальной и пока мало разрешимой задачей “примирение” классификаций, разрабатываемых раздельно для ископаемых и современных представителей этого класса. В “орнитологической” статье её автор, на мой взгляд, уделяет неоправданно большое внимание филогенетическим макросхемам, разработанным на основании мтДНК: в настоящее время показано, что этот фрагмент генома в силу особенностей его эволюции хорошо “работает” лишь на достаточно низких таксономических уровнях (Банникова, 2004). Предложенная Н.В. Зеленковым макросистема класса птиц, в отличие от доминирующих ныне многоуровневых классификаций, включает только перечень отрядов (с указанием относящихся к ним семейств), надотрядные группировки не выделены. Такой вариант классификации отража-

ет, как и в случае с насекомыми, невозможность “консенсуса” между основными иерархическими схемами кладистического толка. Обзор по простейшим носит в основном исторический характер: разбирается история названий “простейшие”, “протисты” и “протоктисты” и утверждается, что, хотя соответствующие группы парафилетичны и исключены из современных филогенетических классификаций, эти названия следует сохранить в биологии. В статье о межвидовых отношениях роз показано, какие проблемы существуют в реконструкциях генеалогий недавно разошедшихся видов у растений.

Раздел “Методические вопросы систематики и филогении. Вопросы номенклатуры и диагностики” (4 статьи) открывает интересная обзорная статья Н.И. Абрамсон (“Молекулярная и традиционная филогенетика...”), по замыслу автора призванная разъяснить сторонникам “классической” школы некоторые узловые вопросы методов молекулярно-филогенетических реконструкций (преимущественно на низких таксономических уровнях). Автор занимает вполне умеренную позицию и подчёркивает необходимость если не совместного (для построения “супердеревьев”), то параллельного анализа разных категорий данных для взаимной проверки “достоверности” получаемых с их помощью результатов. Этот заключительный тезис статьи, очевидно, можно считать адресованным также и “молекулярщикам”-ортодоксам. В двух статьях раздела (“Ботаническая номенклатура...”, Д.В. Гельтман, И.В. Соколова; “Место зоологической номенклатуры...” Н.Г. Богуцкая”) излагаются основные положения ныне действующих международных кодексов ботанической и зоологической номенклатуры. Во второй из них также затронут вопрос о соотношении между традиционной “линнеевской” номенклатурой и современными информационными технологиями, включая обнародование новых таксономических названий в электронной форме. В статье “Диагностические ключи...” (А.Л. Лобанов и др.) кратко рассмотрены типы и способы построения диагностических (идентификационных) ключей, основное внимание уделено представлению дизайна авторской компьютерной программы для таксономической идентификации.

По правде сказать, основным стимулом к написанию настоящей рецензии послужило желание не только ознакомить научную общественность с содержанием сборника, но и высказать своё мнение по поводу его “молекулярно-филогенетического крена”. Поэтому я позволю себе более

обширную, нежели это обыкновенно принято, заключительную часть.

Если вновь обратиться к названию сборника, обозначающему его основную тему, и с этой точки зрения в целом оценить его содержание, то приходится в очередной раз констатировать, что одну из основных современных проблем биологической систематики составляет подмена её собственной тематики тематикой “новой филогенетики”, весьма редуцированной в своих предпосылках, методологии и фактологии (Павлинов, 2005, 2013; Crisci, 2006; Wheeler, 2008), и прежде всего её “молекуляризация” (Lee, 2004). Безусловно, в изучении структуры биологического разнообразия невозможно обойтись без разного рода редуций, а в современных исследованиях по этой теме – без молекулярно-генетических данных. Так что вопрос, естественно, в другом: правомочно ли сводить филогенетику и тем более систематику к численной генофилетике, как это делают ортодоксальные сторонники последней. Вслед за одним из “гуру” данного подхода – Джо Фельзенштайном, математиком по образованию и основной деятельности, – они дают на этот вопрос утвердительный ответ, не признавая за систематическими исследованиями какой-либо специфической проблематики, отличной от построения численных молекулярно-филогенетических схем. В связи с этим сам Фельзенштайн несколько шутейно объявил о создании им таксономической школы “ничего особенного” (Felsenstein, 2003).

Понятно, что “всяк кулик своё болото хвалит” и всякий увлечённый адепт какой-либо концепции склонен преувеличивать её значимость (особенно в свете конкуренции за вышеупомянутые гранты) – но вызывает недоумение слишком короткая историческая память сторонников школы “ничего особенного”. Полвека тому назад идеологи численной фенетики точно так же третировали классическую систематику и точно так же посредством “непопулярных предсказаний” обещали свести всю её проблематику к техническому построению (в их случае) фенетических классификаций (Ehrlich, 1961; Sokal, Sneath, 1963; Sokal, Rohlf, 1970) – и где теперь эта фенетика? По всей очевидности, её нынешнюю преемницу в череде позитивистски ориентированных редуцированных подходов – численную филетику – ожидает аналогичная судьба: не зря же её по методологическим основаниям нарекли “неофенетикой” (Wheeler, 2008). Как то со знанием дела обещает В.В. Алёшин в своей статье (см. выше), она обречена быть сведённой к набору технических средств решения технических задач – и вследствие этого

погрязнуть в инструментализме (Rieppel, 2007). О реальности такой перспективы свидетельствует, например, не так давно вышедшая книга под названием “Филогенетика”, которая представляет собой просто изложение некоторого фрагмента математической теории графов (Semple, Steel, 2003) (от себя замечу: наверное, причина такого названия книги в том, что на “филогенетику” нынче гранты дают охотнее, чем на “графы”). Так что “фельзенштайнианство”, доведённое до своего логического завершения, вообще лишает систематико-филогенетический раздел биологии биологического содержания.

И действительно, для последователей Фельзенштайна весьма характерно очевидное стремление уйти от осознания того, что: а) изучаемое систематикой биологическое разнообразие не сводится к разнообразию строения информационных макромолекул, б) филогенез как один из аспектов исторического развития биоты не сводится к древовидной “молекулярной” схеме и в) вне рамок такого узко понимаемого “филогенеза” остаётся вся огромная палеонтологическая история, на которую приходится большая часть разнообразия организмов (Расницын, 2002; Павлинов, 2005; Wheeler, 2008; статья А.О. Аверьянова в рецензируемом сборнике). С этой точки зрения претензия на установление окончательного “истинного филогенеза” на молекулярной основе выглядит весьма и весьма наивной: в любом случае это будет лишь небольшой фрагмент филогенеза, к тому же не слишком детальный.

Однако с основным тезисом В.В. Алёшина я должен согласиться – правда, с одной важной оговоркой. Предречённое им скорое “завершение как науки” молекулярной филогенетики выглядит вполне логично, если под последней понимать не науку в её стандартном толковании (Ильин, 2003), а некий метод обработки и представления молекулярно-генетических данных (Павлинов, 2005). Действительно, согласно одной из базовых научных эпистем, всякий метод ограничен в своих возможностях – и чем уже решаемая с его помощью содержательная задача, тем скорее наступает исчерпание этих возможностей. Что ж, “всяк сверчок знай свой шесток”... Это и происходит нынче, как можно полагать, с численной генофилетикой, для которой “шестком” оказывается первичная обработка молекулярно-генетического массива данных и представление результатов этой обработки в форме древовидных схем – то, что с некоторых пор принято обозначать респектабельным термином “вычислительная филогенетика” (Page, 2005).

Разумеется, наука невозможна без метода; но метод сам по себе – это всё-таки технология (решение задач типа “как”), а не наука (поиски ответов на вопросы типа “что?” и “почему?”). Редукция науки к методу, идеологическим обеспечением которой в XIX в. послужила позитивистская философия (“мир прост и допускает простые описания”), несостоятельна с точки зрения современной неклассической научной парадигмы (Ильин, 2003). На этом основании я позволю себе свой собственный прогноз о ближайшей перспективе систематики и филогенетики. В не столь отдалённом будущем они преодолеют нынешний “молекулярно-генетический крен”, отведя численной генофилетике подобающее ей место среди прочего исследовательского инструментария. Это послужит стимулом к дальнейшему углублённому анализу теоретических и методологических оснований названных дисциплин, исходя из естественнонаучного, а не “технологического” понимания их предметной области, проблематики и задач. О небеспочвенности такого прогноза можно судить по тому, что в сходном направлении – к осмыслению соответствующих предметных областей и проблематик в контексте только что названной научной парадигмы – потихоньку движутся такие авторитетные (для физикалистов) разделы естествознания, как физика и химия (Бунге, 2003; Курашов, 2009). И, надо полагать, для полноценного восстановления в биологической систематике “биологического стиля мышления” (Beckner, 1959) и обсуждения в указанном контексте перспектив некой “интегративной” (Dayrat, 2005) или “новой” (Wheeler, 2008) таксономии будет созвана не одна конференция, где в центре внимания окажутся действительно проблемы таксономической науки в её многочисленных ипостасях и с её обширным тезаурусом.

#### СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- Аристотель*, 1937. О частях животных. Пер. Карпова В.П. (Серия “Классики биологии и медицины”). М.: Биомедгиз. 220 с.
- Банникова А.А.*, 2004. Молекулярные маркеры и современная филогенетика млекопитающих // Журн. общ. биологии. Т. 65. № 3. С. 278–305.
- Бунге М.*, 2003. Философия физики. М.: УРСС. 320 с.
- Ильин В.В.*, 2003. Философия науки. М.: Изд-во МГУ. 360 с.
- Курашов В.И.*, 2009. История и философия химии. М.: Изд-во КДУ. 607 с.
- Павлинов И.Я.*, 2005. Введение в современную филогенетику. М.: Т-во науч. изд. КМК. 391 с.
- Павлинов И.Я.*, 2013. История биологической систематики: эволюция идей. Saarbrücken: Palmarium Acad. Publ. 476 с.
- Расницын А.П.*, 2002. Процесс эволюции и методология систематики // Тр. Русск. энтомол. о-ва. Т. 73. 108 с.
- Beckner M.*, 1959. The biological way of thought. N.Y.: Columbia Univ. Press. 200 p.
- Crisci J.V.*, 2006. One-dimensional systematics: Perils in a time of steady progress // Syst. Bot. V. 31. № 1. P. 217–221.
- Dayrat B.*, 2005. Towards integrative taxonomy // Biol. J. Linnean Soc. V. 85. Iss. 3. P. 407–415.
- Ehrlich P.R.*, 1961. Systematics in 1970: some unpopular predictions // Syst. Zool. V. 10. № 1. P. 157–158.
- Felsenstein J.*, 2003. Inferring phylogenies. Elswere: Sinauer Assoc. 664 p.
- Lee M.S.Y.*, 2004. The molecularization of taxonomy // Invertebr. Syst. V. 18. № 1. P. 1–66.
- Page R.D.M.*, 2005. Phyloinformatics: towards a phylogenetic database / Eds Wang J.T.L., Zaki M.J., Toivonen H.T.T., Shasha D.E. Data mining in bioinformatics. Stuttgart: Springer Verlag. P. 219–241.
- Rieppel O.*, 2007. The nature of parsimony and instrumentalism in systematics // J. Zool. Syst. Evol. Res. V. 45. Iss. 3. P. 177–183.
- Semple C., Steel M.*, 2003. Phylogenetics. Oxford: Oxford Univ. Press. 239 p.
- Sokal R.R., Sneath R.H.A.*, 1963. Principles of numerical taxonomy. San Francisco: W.H. Freeman & Co. 359 p.
- Sokal R.R., Rohlf F.J.*, 1970. The intelligent ignoramus, an experiment in numerical taxonomy // Taxon. V. 19. № 3. P. 305–319.
- Wheeler Q.D.*, 2008. Introductory: Toward the new taxonomy / Ed. Wheeler Q.D. The new taxonomy. Boca Raton (FL): CRC Press. P. 1–18.