

Система природы: триста лет спустя

В этом году широко отмечается 300-летие со дня рождения Карла Линнея – великого шведского естествоиспытателя, который по праву считается основателем биологической систематики как науки. Примечательно, что изо всех естественных наук только науке о живом потребовалась специальная дисциплина, занятая упорядочиванием организмов. Связано это прежде всего с колоссальным разнообразием живых объектов: уже во времена Линнея были известны десятки тысяч видов. Сегодня только описанных «по правилам» организмов – около двух миллионов, не говоря уже о тех, кто пока остается «за бортом».

Конечно же, систематики существовали и до Линнея. Одними из первых систематиков были Аристотель, предложивший первую классификацию животных, и его ученик Теофраст, предложивший первую классификацию растений. Однако детальная интеграция знаний о разнообразии стала возможна лишь на рубеже XVII и XVIII веков, а строгая методическая основа классификации была разработана именно Линнеем.

Суммируя заслуги Линнея, можно сказать, что он описал основные методы систематики, ввел новую систему названий, составил каталог организмов и нарисовал контуры общей системы организмов. Давайте посмотрим, как эти направления систематики развивались после Линнея.

Методы

Карл Линней одним из первых нащупал контуры так называемого «естественного метода», который стал главным в систематике в последующие годы. Сам Линней находился посередине между искусственными, основанными на немногих признаках, классификациями и новым естественным методом. Знаменитая линнеевская «половая классификация растений» была в значительной мере искусственной, так как основывалась почти целиком на количестве и строении тычинок, в то время как классификация животных в «Системе природы» уже гораздо ближе к естественной. В последние годы жизни Линней набросал предварительную естественную классификацию растений, но воплотить ее в жизнь удалось лишь его ученику Паулю Гизеке. Одновременно естественная классификация растений была разработана во Франции Антуаном Жюссье.

Методика классификации во времена Линнея и долгое время после него была в значительной мере интуитивной: приступая к классификации какой-нибудь группы организмов, систематик собирал материал, работал с коллекциями, выяснял сходства и различия и затем пытался наилучшим образом классифицировать изученные виды. В процессе осмысления систематик обычно испытывал нечто вроде озарения (сходного со знаменитым сном Менделеева, в котором он увидел свою таблицу элементов), результатом которого и становилась искомая система. В дальнейшем полученная классификация прямо или косвенно проверялась на соответствие другим феноменам (скажем, эволюционной истории), на предсказательную способность и в конце концов принималась (или не принималась) научным сообществом. Весь процесс был основан на личном мнении специалиста по данной конкретной группе организмов и, стало быть, невоспроизводим.

Эта ситуация коренным образом изменилась в 60-е годы XX века, когда на английском языке появились две книги, революционизировавшие систематику. В 1963 году,

была опубликована книга «Принципы численной таксономии» Роберта Сокела и Питера Снита. Книга содержала основы нового направления систематики, которое вскоре назвали фенетикой. Оно позволяло получать для каждой анализируемой группы строго однозначные и воспроизводимые результаты – правда, ценой довольно серьезных расчетов.

А в 1966 году вышло английское издание «Филогенетической систематики» немецкого энтомолога Вилли Хеннига. Эта книга (опубликованная по-немецки шестнадцатью годами раньше, но, как это часто бывает, до перевода не привлекавшая внимания) стала манифестом кладистики (от латинского *clada* – «ветвь») или, как называют ее сторонники, филогенетической систематики. Не вдаваясь в методологические подробности (см. врез), можно сказать, что она исходит из простых и понятных базовых положений: все виды внутри анализируемой группы связаны родством, все они возникли в результате серии последовательных разделений исходного вида надвое, и все их отличительные признаки отражают такие разделения. Грубо говоря, задача систематика – найти схему, в которой число таких ветвлений минимально. В результате кладистических процедур также получались древообразные классификации, которые затем надо было приводить в традиционный вид, однако деревья Хеннига (кладограммы) строились исходя из заранее существовавшей модели эволюции.

Систематики всегда старались использовать в своих построениях данные других отраслей биологии – сначала анатомии и эмбриологии, потом цитологии, биохимии и, наконец, молекулярной биологии. Однако лишь внедрение данных последней науки можно назвать революционным. Молекулярные данные отличаются тем, что они очень многочисленны и в то же время очень просты. Классический морфолог мог тратить годы, чтобы отыскать новый признак. Сиквенирование же всего одного гена позволяет получить сотни и даже тысячи признаков, пригодных для анализа.

Ботаникам несказанно повезло – уже первые сиквенированные гены дали очень ясную картину, которая в настоящее время практически не меняется, а только уточняется. Замечательно, что при этом практически не изменился состав семейств цветковых растений, большинство из которых были предложены еще Жюссье. А вот на уровнях выше семейства – порядки, подклассы – современная классификация цветковых почти целиком основана на молекулярной биологии. Правда, найти морфологические признаки, соответствующие молекулярной систематике, оказалось довольно трудно – хотя и здесь в последние годы наблюдается значительный прогресс.

С другими группами организмов все не так просто. Четкая классификация насекомых на основе морфологии, отлично подтвержденная палеонтологическими данными, очень плохо согласуется с результатами молекулярного анализа. Но для этой группы хотя бы ясно, что дело не в ошибках старой систематики, а в молекулах, эволюционировавших в разных группах насекомых с весьма разной скоростью. Систему рыб молекулярный подход почти не изменил. У млекопитающих отряды остались те же, что и раньше, а вот эволюционные отношения между ними поставлены «с ног на голову».

Впрочем, иногда молекулярная систематика подтверждала то, о чем специалисты догадывались и до нее, но боялись произнести вслух. Так случилось со сближением членистоногих и круглых червей. Членистоногие (как видно уже из их названия) – животные членистые, тело у них состоит из сегментов, и логичнее всего было бы сближать их с кольчатыми червями, у которых есть и сегментация, и даже зачатки конечностей. Однако зоологи уже довольно давно стали обращать внимание на несходство зародышевого развития кольчатых червей и членистоногих. Потом выяснилось, что сложно организованный наружный скелет членистоногих непохож на то, что есть у кольчатых червей, и гораздо более сходен с кутикулой круглых червей (нематод). Потом у нематод и членистоногих нашли общий гормон, обеспечивающий линьку (а без линьки существа с наружным скелетом расти не могут) – экдизон. Наконец, обнаружены фундаментальные молекулярные сходства этих групп, а среди ископаемых остатков – организмы, которые могут претендовать на роль переходных форм.

Незнакомому с систематикой человеку может показаться, что главная ее задача – это описание и «размещение» вновь открытых видов. Систематика в самом деле решает такие задачи, однако большинство систематиков занимается другим – группировкой и перегруппировкой уже известных систематических групп. В основе этой деятельности лежат два принципа. Во-первых, каждый систематик убежден, что разнообразие организмов не хаотично: в его основе лежит некоторый Порядок. Одни называют его Естественной Системой, другие – Родословным Древом, но общее мнение таково, что систематик вскрывает своей работой объективно существующие законы разнообразия. Во-вторых, чем «естественнее» сгруппированы таксоны, тем больше шансов предсказать по признакам одних представителей таксона аналогичные особенности других представителей. Например, слонов систематики на основании строения скелета долгое время сближали с копытными. Позднее молекулярные данные указали на то, что ближайшая родня слонов – сирены, никогда не выходящие на сушу обитатели мелководий морей и устьев рек (к ним относятся ламантины, дюгоны и истребленная человеком морская корова). Можете представить себе торжество зоологов, когда при тщательном изучении зародышевого развития слонов, выяснилось, что на одной из последних стадий развития у нерожденного слоненка на короткий срок появляются... плавательные перепонки! Это – наглядный пример предсказательной силы систематики.

Фенетика

В основе фенетики лежит идея о том, что все признаки могут быть закодированы числами, и тогда сведения об элементарных таксонах можно организовать в виде матрицы – таблицы, где строками будут таксоны, а столбцами – признаки этих таксонов (надо отметить, что еще во второй половине XVIII века такие матрицы стал строить французский ботаник Мишель Адансон). На основании такой матрицы можно вычислить дистанции – «расстояния» между таксонами и построить древообразную классификацию – фенограмму. Ее легко превратить в традиционную классификацию: нужно просто присвоить разным ветвям названия и ранги. Скажем, если нас интересуют отношения видов внутри семейства, то ветви первого порядка будут соответствовать подсемействам, второго – родам, и т. д. Важной особенностью фенетики является требование равного значения (веса) всех признаков, а также то, что эволюционные интерпретации системы допускаются только после ее построения. Предложенная методика оказалась очень эффективной и начиная с 70-х годов завоевала громадную популярность, особенно в систематике низших таксонов – видов и популяций. Из более современных достижений фенетики нужно упомянуть разработку Джеймсом Рольфом в 80-е годы методике численного анализа форм частей организмов (геометрическая морфометрия), а также все большее внедрение так называемых «методов ординации», где каждый таксон изображается не веткой на дереве, а точкой в многомерном пространстве признаков. Все развитие фенетики сильно завязано на развитие вычислительной техники и соответствующего программного обеспечения.

Кладистика

Построение кладограмм начинается точно также как и построение фенограмм: с матрицы таксоны/признаки. Но в отличие от фенетики в кладистике каждый признак оценивается с эволюционной точки зрения: у него отмечаются примитивное и продвинутое состояния. Затем строится такое дерево, в котором частота независимого появления одинаковых признаков у разных таксонов будет минимальной (так называемый принцип парсимонии, аналогичный широко известной «бритве Оккама»). Компьютерные программы, строящие кладограммы, просто перебирают все возможные деревья, находя среди них наиболее короткие. Популярность этого направления еще выше, чем фенетики. До начала использования в систематике молекулярных данных конкуренция между фенетикой и кладистикой еще была возможна, но сейчас большинство «молекулярных филогений» строится на принципах кладистики.

Кладистика, как и всякое научное течение, очень разнообразна. Согласно паттерн-кладизму, для построения кладограмм вовсе не обязательно учитывать эволюцию группы – для этого направления кладистика лишь удобный способ классификации, не связанный с реальным родством классифицируемых объектов. Многочисленные новые методики анализа молекулярных «текстов» вместо парсимонии используют модели, основанные на предполагаемых направлениях эволюции ДНК (так называемый «метод максимального правдоподобия») или принципы фенетики (современная кладистика вообще очень многое заимствовала у фенетики). Можно сказать, что кладистика возродила подход к описанию разнообразия, в котором конечным результатом является не список таксонов в форме, разработанной Линнеем, а дерево, на котором таксоны образуют отдельные ветки. Такие деревья рисовал еще Чарлз Дарвин в «Происхождении видов», а особенно ими увлекался Эрнст Геккель. Сегодня они стали своеобразным символом «новой систематики».

Названия

Очень важным достижением Линнея было упорядочивание огромного массива существовавших к тому времени названий животных и растений. Идея была проста: дать каждому виду уникальное название, состоящее из имени рода и видового эпитета. Это называется «бинарная номенклатура». Сам Линней не придавал этой идее особого значения, однако в контексте последующего развития науки она оказалась чрезвычайно важной.

К сожалению, Линней почти ничего не сказал о том, как поступать с названием, если, например, вид перенесен в другой род или два вида слиты в один. Для урегулирования таких случаев в конце XIX века появились сводки правил номенклатуры, которые затем переросли в кодексы номенклатуры – отдельные для растений и для животных (а в последнее время еще и для бактерий и вирусов). Кодексы номенклатуры, как правило, принимаются на больших форумах – ботанический, например, на Международном ботаническом конгрессе, – и всем работающим в данной науке специалистам рекомендуется следовать им. Чем больше времени проходит, тем сложнее делаются кодексы, поэтому существует тонкая, но весьма заметная категория специалистов по номенклатуре (своего рода адвокатов от систематики), к которым принято обращаться в казусных и необычных случаях.

Однако сегодня стабильность номенклатуры опять находится под угрозой. Во-первых, систематики вплотную принялись за детальное изучение протистов (этим названием раньше обозначали все одноклеточные организмы, имеющие настоящее ядро; сегодня состав этой группы сильно расширен, о чем еще будет речь ниже). Названия некоторых из них регулируются ботаническим кодексом номенклатуры, других – зоологическим, а иные, как оказалось, под разными именами присутствуют в обоих. Такое дублирование противоречит самой идее линнеевской системы, однако идея всеобщего кодекса номенклатуры (так называемый БиоКодекс, разработанный в 1997 г.) никак не может получить достаточной поддержки ни ботаников, ни зоологов. Во-вторых, сторонники древообразных классификаций уже давно заметили, что можно строить систематику вовсе без рангов, не следуя бинарной номенклатуре и присваивая каждому таксону (или кладе, т. е. ветви дерева) уникальное название. Они написали собственный кодекс номенклатуры – так называемый ФилоКодекс, который развивается все активнее и представляет прямую угрозу линнеевской номенклатуре, а, стало быть, и всем традиционным кодексам. Сейчас появляется все больше классификаций, основанных на ФилоКодексе, и в самое ближайшее время биологам придется делать решительный выбор.

Каталог

Открытие нового вида – относительная редкость для позвоночных, однако в других группах живых организмов новые виды открываются постоянно. Можно даже сказать, что существуют «горячие точки» разнообразия: насекомые, круглые черви-нематоды, грибы,

многие другие группы протистов, и, разумеется, бактерии. Чем проще устроены организмы, тем больше вероятность обнаружить новый род, семейство, даже класс или тип. Особенно показательна ситуация с бактериями, где новая методика «средовых сиквенсов» (когда сиквенированию подвергается не индивидуальная культура микроба, а целиком проба, взятая из определенного места) позволила выявить десятки групп, не поддающихся культивированию, но зато отличающихся друг от друга на уровне классов и даже типов. Что делать с такими группами, не совсем ясно. К счастью, время от времени удается начать культивировать какого-нибудь представителя такой группы, и тогда в соответствующих журналах появляется описание еще одного типа бактерий. За последнее десятилетие описано не менее десятка таких групп, и сложно представить, что будут дальше: новые типы удается обнаружить даже в зубном налете, не говоря уже о более экзотических местообитаниях! Новые виды открывают не только в гидротермальных источниках или антарктических водах, но и на обычных деревьях. Похоже, что с каждым крупным тропическим деревом ассоциировано не менее десятка новых видов насекомых и несколько десятков видов грибов. И хотя насекомых известно уже свыше миллиона видов, по меньшей мере столько же ждут своего открытия. С грибами еще интереснее: их известно чуть более 100 тысяч видов, однако, судя по всему, это не более 5% их реального количества.

Не удивительно, что в последние годы важнейшей частью работы систематиков стало создание таксономических баз данных. Один из наиболее удачных примеров – таксономическая база NCBI GenBank, куда входят все организмы, для которых были когда-либо получены сиквенсы ДНК. Не за горами, по-видимому, создание баз данных морфологических признаков (MorphoBank для растений уже существует) и кладограмм (удачный пример – TreeBase). Вероятно, в скором времени появится и интегрированная база данных по всем организмам. Задача организации такой базы очень сложна, но, по-видимому, выполнима.

Контуры

Как известно, Линней выделял два царства живой природы – Растения и Животные, причем определял их физиологически («растения живут и растут; животные живут, растут и чувствуют»). В такой биполярной системе любой промежуточный организм должен был бы рано или поздно отнесен к одному из двух царств. Однако весь XIX век продолжались попытки выделить третье царство. В результате появились трехцарственные системы Хогга и Геккеля, а затем четырехцарственная система Коупленда, сохраняющее свое значение до сих пор. В этой системе грибы, одноклеточные организмы вроде инфузорий и водоросли относятся к протистам, в то время как многотканевые организмы – к растениям или животным. В 1990-е годы американский молекулярный биолог Карл Вёзе выделил особую ветвь прокариот – архебактерии, которые было также предложено считать царством. В настоящее время становится все более явным, что эукариоты делятся на два ствола, которые можно называть по-старому – Животными и Растениями (или Сверх-растениями и Сверх-животными), но относить к первым амёб и настоящие грибы, а ко вторым – водоросли, инфузории и другие группы протистов. Представляется, что на современном этапе развития науки коуплендовская четырехцарственная система (Прокариоты, Протисты, Растения, Животные) и новая, «четырёхветочная» (Бактерии, Архебактерии, Растения, Животные) могут легко ужиться друг с другом.

Таковы в общих чертах основные направления развития систематики в послелиннеевскую эру. Как видно, несмотря на солидный возраст, биологическая систематика по-прежнему представляет собой бурно развивающуюся науку.

*Алексей Шипунов,
кандидат биологических наук,
научный сотрудник университета Айдахо (США)*

