



УДК 57.06

МЕТОДОЛОГИЯ КЛАССИФИКАЦИИ: ПОДХОДЫ ПРОКРУСТА, ПЛАТОНА И ЛИННЕЯ

А.П. Расницын

*Палеонтологический институт им. А.А. Борисяка РАН, Москва и Natural History Museum, London
e-mail: rasna36@yahoo.com*

РЕЗЮМЕ

Альтернативные подходы к классификации биологического разнообразия можно связать с именами Платона и Линнея с одной стороны (анализируя, «резать природу по сочленениям», по естественным границам, поэтому «признак не определяет род, но род – признак»), и Прокруста – с другой (наложение на биоразнообразие априорной мерки, заранее выбранной системы признаков). Оба подхода имеют свои достоинства, но общей системе организмов, той единственной, что вправе давать научные имена таксонам, адекватен подход Платона-Линнея. Оптимальной представляется система в форме монофилетического континуума.

Ключевые слова: теория систематики, признак, кладистика, филетика, молекулярная систематика, филогенетика, монофилетический континуум

TAXONOMIC METHODOLOGY: APPROACHES BY PLATO, LINNÉ, AND PROCRUSTES

A.P. Rasnitsyn

A.A. Borissiak Paleontological Institute, Russian Academy of Sciences, Profsoyuznaya ul. 123, Moscow, 117997 Russia, and Natural History Museum, London S W7, 5 BD, United Kingdom: e-mail rasna36@yahoo.com

АБСТРАКТ

There are two alternative approaches as to how to classify the biological diversity which are derivable either from Plato and Linné, or from Procrustes. The former approach means “to cut nature at the joints” (along natural borderlines), therefore “the character does not constitute the genus, but the genus the character”. The latter approach denotes an a priori measure (a set of characters defined beforehand) which is applied to the diversity (ignoring a possible immanent structure of the diversity). Each approach has its own merits, but the General System, the only one authorized to assign scientific names to taxa, agrees with Plato and Linné rather than with Procrustes. Monophyletic continuum is considered to be the best to fit the aims of the System.

Key words: taxonomic theory, character, cladistics, phyletics, molecular taxonomy, phylogenetics, monophyletic continuum

Мир настолько сложен и многообразен, что без классификации его невозможно познавать и, соответственно, существовать и действовать в нем. А цели классификации и адекватность ее методов этим целям были недостаточно ясно сфор-

мулированы и в прошлом, и сейчас (Расницын 2002; 2008). Попробуем продвинуться немного дальше, используя опыт, накопленный в течение последних десятилетий (обзор: Павлинов и Любарский 2010).

Главный вопрос касается априорных установок, определяющих характер классификации. Классифицировать, не опираясь на какие-то априорные положения, по-видимому невозможно. По меньшей мере мы должны сделать осознанный выбор: либо мы принимаем, хотя бы в форме гипотезы, что наличное разнообразие имеет выраженную структуру, которую стоит выявить и использовать для классифицирования. Либо, отрицая или игнорируя существование такой структуры, мы накладываем на анализируемое разнообразие априорную схему. В первом случае мы следуем рекомендации Платона: анализируя (т.е. мысленно расчлняя) природу, надо резать по ее сочленениям (Null 1983). Что это значит в применении к систематике организмов, несколько иносказательно описал Карл Линней: «То, что в одном роде важно для установления рода, в другом – вообще не имеет значения. Знай: признак не определяет род, но род – признак. Признак вытекает из рода, а не род из признака. Признак существует не для того, чтобы учредить род, а для того, чтобы его познать [опознать, – *A.P.*]» (Линней 1989, §169). Это значит, что некая группа сначала очерчивается, пусть предварительно и неточно, но по каким-то естественным границам, и лишь затем выявляются ее диагностические признаки.

Платону и Линнею противостоит Прокруст. Следуя ему, мы считаем существование имманентной структуры разнообразия сомнительным или несущественным для наших целей. Поэтому мы классифицируем с помощью признаков, выбранных заранее согласно тем или иным априорным критериям. В этом случае мы накладываем априорную классификационную схему на естественное многообразие объектов, как Прокруст накладывал априорную мерку своего ложа на несчастного путника.

Конечно, эта дихотомия сильно упрощает ситуацию: на самом деле два описанных подхода представляют только концы непрерывного ряда. Действительно, мы не можем выявить исходную (имманентную) структуру многообразия напрямую, а только с помощью доступных нам признаков. Мы не знаем механизмов, задающих разнообразие, поэтому значение признаков для выявления структуры многообразия нам заранее не дано и постигается лишь апостериорно (см. цитату из Линнея выше). Если, уповая на Платона, мы хотим полностью избежать априорных

конструкций, нам следует опробовать ВСЕ возможные признаки, что недостижимо. Поэтому мы начинаем с использования наиболее доступных признаков, но в этом уже есть несомненная априорная составляющая, так как распределение наиболее доступных признаков (обычно это яркие признаки внешней морфологии) не обязательно случайно по отношению к искомой структуре многообразия (статистически адекватно ей).

С другой стороны, мы можем строить сугубо служебную, т.е. заведомо прокрустову классификацию с помощью признаков, отобранных по априорным критериям. Тогда нам не следует претендовать на естественность классификации, ее адекватность структуре многообразия. Подобные классификации, от алфавитного указателя до классификации жизненных форм или видов по характеру их ареала, бывают весьма востребованными по причине их удобства или ради конкретных практических целей. Но даже в алфавитном списке не исключена возможность отражения, пусть самого отдаленного, каких-то аспектов структуры многообразия, потому что названия даются не совсем случайно. Весьма обычно, например, название одного организма дается как модификация имени другого, ему близкого, и в алфавитном указателе эти названия будут соседствовать, отражая близость соответствующих организмов.

Очевиден и промежуточный пример: строго филогенетическая (кладистическая) система строится по признакам, отобранным по априорному критерию значимости признака для установления родства. Поскольку структура природного многообразия в той или иной мере обусловлена его историей и в частности генеалогией организмов, такие системы должны более или менее соответствовать исходной структуре многообразия. Но как мы знаем, степень этого соответствия варьирует в очень широких пределах.

Таким образом, использование априорных критериев часто полезно, но эта полезность всегда требует обоснования и имеет свои границы.

Сравнение классификаций по их эффективности, совершенству, по тому, насколько они адекватны имманентной структуре многообразия, представляется возможным, несмотря на то, что эта структура никогда не бывает известна в окончательном виде. Техника сравнения – вопрос особый, здесь ее разбирать едва ли возможно. Очевидно только, что одним из решающих кри-

териев должна быть устойчивость системы при включении в анализ все новых групп организмов и новых признаков. При этом важно, чтобы среди классификаций, участвующих в сравнении, присутствовали те, что построены наименее априорными методами. Вопрос в том, что это за методы.

Люди так давно занимаются систематизацией окружающего мира и классификацией его объектов, что вполне могли чисто практически, еще на донаучном этапе, нащупать адекватную процедуру классифицирования и ввести ее, пусть в не вполне явном виде, в научный оборот. Более того, на мой взгляд это действительно было сделано давно и сформулировано, хотя и в несколько индифферентной форме, уже Линнеем («не признак определяет род, но род – признак», см. выше). Представленная выше простая и, возможно, для кого-то неожиданная интерпретация этого афоризма состоит в том, что методологически таксон первичен, а его диагностические признаки вторичны. Как уже говорилось, человек (безразлично, сегодняшний профессиональный систематик или член первобытного племени) сначала выделяет некую группу, и лишь потом ищет ее диагностические признаки, чтобы легче ее опознавать в самых разных условиях и обстоятельствах.

Тот, кто много занимался классификацией и сталкивался с новой или мало изученной группой, особенно большой и разнообразной, наверное замечал, что вначале объект изучения производит впечатление бесструктурной каши. Потом, когда мы все более и более внимательно знакомимся с этой группой, проверяем распределение все новых и новых признаков, мы обнаруживаем в ней какие-то сгущения, группировки более сходных между собой объектов. Отталкиваясь от этих центров кристаллизации, мы пытаемся разобраться с тем, что находится между ними, на кого более похожи те виды, что остались в промежутках, и нет ли еще подобных сгущений. По ходу дела мы пытаемся понять, что именно, какие признаки объединяют наши предварительные группировки, постоянно убеждаемся, что тот или иной признак, вначале казавшийся надежным, где-то перестает хорошо работать, например, начинает варьировать внутри казалось бы хорошо очерченной группы. Другой признак срывается в ином месте, и т.д. Перебирая все новые и новые признаки, мы в конце концов обычно приходим к некоторому представлению о структуре группы, о ее подчиненных группиров-

ках и соответственно о положении границ между ними и о признаках, маркирующих эти границы. Теперь можно уже окончательно проверять характеристики группировок и фиксировать их диагностические признаки, формулировать диагнозы, описания и сравнения, строить ключи. В результате такой работы приходит понимание, что таксон определяется именно положением границ, гиатусов, а признаки (строго по Линнею!) диагностируют таксон, но не создают, не определяют его. В точном соответствии с этимологией слова: признак это то, что позволяет признать, опознать нечто, что уже существует. Признак это метка, но не суть, не сущность.

Вопрос о сути совершенно отдельный, и здесь не место его разбирать подробно. Эту проблему исследует эпигенетическая теория эволюции (Шишкин 1987; 2006; Расницын 2002; 2008), однако самая яркая формулировка сущности таксона, того, что обуславливает его устойчивость и обособленность (наличие границ, гиатусов, отделяющих его от других таксонов), предложена знаменитым проponentом альтернативной (синтетической, а точнее генетической) теории эволюции Эрнстом Майром: «эпигенотип вида, его система канализаций развития и обратных связей часто столь хорошо интегрирована, что с замечательным упорством противостоит изменениям» (1974, с. 353). Механизм стабилизации эпигенотипа, который обеспечивает дискретность (устойчивость и обособленность) таксонов естественной системы организмов, был обозначен автором как адаптивный компромисс (Расницын 1987).

Итак, традиционный таксон определяется гиатусом и соответствует понятию континуума. Континуум есть цепь или сеть, составленная из объектов, каждый из которых по совокупности признаков более сходен со своими соседями по цепи, чем с любыми другими объектами (членами других континуумов). Соответственно, континуумы разделены линиями наименьшего сходства (гиатусами). Важное преимущество классификации путем прослеживания гиатусов состоит в том, что в этом случае многообразие может быть разделено на таксоны-континуумы без перекрывания и без остатка (обособленные формы, уникальные по своим признакам, не составляют остатка, а рассматриваются как континуумы минимального объема – монотипические таксоны того или иного ранга).

Напротив, наложение на многообразие прокрустова набора априорных признаков дает либо широкое перекрывание этих признаков, либо, если мы принимаем каждое сочетание перекрывающихся признаков как маркер отдельного таксона и тем избегаем перекрывания, то получаем множество пустых таксонов, поскольку многие сочетания признаков в природе не реализуются.

Таксон-континуум это чисто фенетическое понятие, отражающее сходство объектов. Соответственно, предлагаемый подход выглядит как оппозиция привычной, практически общепринятой и зарекомендовавшей себя практике учета родственных отношения организмов при построении системы. Действительно, додарвинские и многие последарвинские системы, строившиеся как чисто фенетические (без всяких ссылок на родственные отношения), часто хорошо согласуются с последующими филогенетическими схемами. И это конечно не случайно. Структура биологического многообразия во многом определяется его историей и более узко – генеалогией составляющих его организмов. Во многом, но не во всем. Иначе познание филогенеза не было бы таким трудным делом. Иначе не существовали бы группы, в которых филогенез, надежно установленный тем или иным способом (часто по последовательности оснований ДНК), не противоречил бы столь разительно сходственным отношениям организмов, отраженным в прежних классификациях. Таковы, например, прокариоты (см. Заварзин 1987), многие группы растений (Соколов 2006) и даже млекопитающие, как в скандальном случае афротериев (см. Банникова 2009; Агаджанян 2011; Абрамсон, 2013).

Есть и другие свидетельства того, что структура биологического разнообразия определяется не одним только кладогенезом (особенностями процесса дивергенции), но во многом еще и параллелизмами (сходными морфогенетическими потенциями родственных форм), и особенно – дифференциальным вымиранием, в частности быстрой элиминацией промежуточных, недостаточно сбалансированных форм («принцип вымирания»: Дарвин 1991, с. 107). Именно этот процесс, названный созреванием таксона (Rasnitsyn 1996; Расницын 2002), вероятно ответственен за парадоксальное, но широко распространенное явление, когда родственные отношения старших таксонов (семейств, отрядов) выявляются легче

и выглядят более понятными, чем связи родов и видов, хотя очевидно, что дивергенция последних происходила относительно недавно, и ее следы в распределении признаков должны были сохраниться лучше.

Несмотря на все эти оговорки, филогенез обладает большими прогностическими свойствами: он умеет предсказывать распределение еще не известных и недостаточно изученных признаков, учет которых мог бы значительно изменить видимую структуру сходств и различий. Однако эти прогностические свойства ограничены, а наши знания филогенеза всегда неполны и несовершенны, как это хорошо показывает практика кладизма и молекулярной филогенетики. В частности, даже эта последняя, считающаяся наиболее надежным методом реконструкции генеалогии, оказалась далеко не лучшей по такому важному показателю, как ее соответствие палеонтологической летописи. Летопись представляет собой не идеальное, но независимое отображение эволюционного процесса, и можно ожидать, что хорошая кладограмма (правильно отражающая кладогенез группы) будет в среднем лучше соответствовать палеонтологической истории группы. Однако на материале насекомых было показано, что молекулярная кладограмма по этому критерию ничуть не более успешна, чем морфологическая кладистика, и намного уступает традиционным (интуитивным по терминологии кладистов) методам реконструкции филогенеза (Расницын 2010).

Поэтому требование сделать классификацию ВСЕГДА изоморфной кладограмме, т.е. нашим сегодняшним представлениям о генеалогии группы, – это экстремизм. Построенные таким образом кладистические и молекулярные классификации не только часто и во многом противоречат распределению сходств и различий, но и оказываются неустойчивыми. Порой их приходится существенно перестраивать чуть ли ни после каждого нового исследования.

В то же время существует более мягкий и гибкий способ учитывать филогенез при классификации организмов, метод монофилетического континуума (филетика). По существу, филетическая таксономия это просто формализация традиционного последарвинского метода построения системы организмов. Филетический метод многократно описан (Пономаренко и Расницын 1971; Расницын 1988; 1992; 2008) и не требует

подробного изложения. Кратко можно сказать, что фенетический метод континуума (выделение таксонов по линиям гиатусов, как они прослеживаются при анализе распределения доступных признаков) дает черновую версию системы, далее анализируемую филогенетически. В этом анализе мы прежде всего проверяем полученный таксоны на предмет их монофилии. Здесь важно отметить, что монофилия понимается шире, чем в кладизме, и включает парафилию наряду с голофилией. Другими словами, монофилетическим мы – вполне традиционно – считаем любой таксон, возникший единым корнем, независимо от того, включает ли он все ветви от этого корня, как в голофилетическом таксоне, или некоторые его ветви выходят за пределы таксона, как в случае парафилии.

Если при таком анализе мы не обнаружили признаков полифилии таксонов, система принимается для дальнейшего использования. Если же признаки полифилии обнаружены (неважно, в ходе ли данного исследования или в любой последующий момент), система не отбрасывается, а выполняется ее новый анализ на более широком материале, чтобы проверить, насколько надежны как вновь обнаруженные свидетельства полифилии, так и те признаки сходства, которыми ранее было обосновано выделение соответствующих таксонов. Опыт показывает, что более широкий анализ обычно позволяет найти новый компромисс между филогенией и распределением признаков. Систему удастся либо сохранить в прежнем виде, либо реорганизовать, восстановив монофилию (в указанном смысле) всех ее таксонов.

Традиционный метод построения системы требует от систематика глубоких и разносторонних знаний – знания морфологии, онтогенеза, экологии, палеонтологии, закономерностей эволюции данной и смежных, а лучше и более далеких групп, палеоэкологии, палеоландшафтов, палеоклимата и т.п. Этот метод не свободен от личностных особенностей исследователя и, соответственно, от субъективности, и его нельзя целиком перепоручить компьютеру. Но ведь субъективность неискоренима и из других, будто бы строго объективных методов. Просто там она заматывается под ковер: меняются параметры расчетов, убираются признаки, влияющие на результат неприемлемым образом, и т.д. Считается, что для кладистического и молекулярного изучения филогении и систематики (что для них практически одно и то же) нужно, по-

мимо владения соответствующими методиками и аппаратурой, иметь лишь надежно определенный материал и, в случае кладизма, умение набрать достаточное число филогенетически важных признаков. Однако эта скромность в запросах по части глубины знания объекта и ориентация на внеличностное (строго объективное) знание оборачивается потерями в отношении глубины и надежности результатов исследования.

Все сказанное позволяет заключить, что Прокрустов топор может служить весьма эффективным инструментом для решения определенного круга задач, но стратегически, имея в виду создание общей системы организмов как междисциплинарного языка и как отображения таксономического аспекта биологического многообразия, скальпель Платона безусловно предпочтительнее.

Пользуюсь случаем выразить свою искреннюю признательность организаторам Совещания «Современные проблемы биологической систематики» (Санкт-Петербург, апрель 2011) за приглашение и помощь на Совещании и при подготовке рукописи.

ЛИТЕРАТУРА

- Абрамсон Н.И.** 2013. Молекулярная и традиционная филогенетика. На пути к взаимопониманию. *Наст. сборник*, С. 221–231.
- Агаджанян А.К.** 2011. Геносистематика и морфогенез млекопитающих. *Конференция «Морфогенез в индивидуальном и историческом развитии»*. 16–18 марта 2011 г. Тезисы. ПИН РАН. Москва: 1–3.
- Банникова А.А.** 2009. Молекулярные маркеры и современная филогенетика Млекопитающих. *Журнал общей биологии*. 65(4): 287–305.
- Дарвин Ч.** 1991. *Происхождение видов путем естественного отбора*. Издательство «Наука», Санкт-Петербург. 540 с.
- Заварзин Г.А.** 1987. Особенности эволюции прокариот В: Л.П. Татаринов, А.П. Расницын (ред.). *Эволюция и биоэкологические кризисы*. Издательство «Наука», Москва: 144–158.
- Линней К.** 1989 *Философия ботаники*. Издательство «Наука». Москва. 453 с.
- Майр Э** 1974. *Популяции, виды и эволюция*. Издательство «Мир». Москва. 460 с.
- Павлинов И.Я., Любарский Г.Ю.** 2010. Биологическая систематика: эволюция идей. Сборник трудов Зоологического музея МГУ, 51. 667 с.
- Пономаренко А.Г., Расницын А.П** 1971. О фенетической и филогенетической системах *Зоологический журнал*. 50(1): 5–14.

- Расницын А.П. 1987.** Темпы эволюции и эволюционная теория (гипотеза адаптивного компромисса) В: Татаринов Л.П., Расницын А.П. (ред.) *Эволюция и биоэкологические кризисы*. М., Наука. С. 46–64.
- Расницын А.П. 1988.** *Филогенетика*. В: Меннер В.В., Макридин В.П. (ред.) *Современная палеонтология*. Т. 1. Издательство «Недра». Москва: 480–497.
- Расницын А.П. 1992.** Принципы филогенетики и систематики. *Журнал общей биологии*. **53**(2): 172–185.
- Расницын А.П. 2002.** Процесс эволюции и методология систематики. *Труды Русского энтомологического общества*. 73. Санкт-Петербург. 107 с.
- Расницын А.П. 2008.** Теоретические основы эволюционной биологии. В: Жерихин В.В., Пономаренко А.Г., Расницын А.П. Введение в палеоэнтомологию. Издательство КМК. Москва: 6–79.
- Расницын А.П. 2010.** Молекулярная филогенетика, морфологическая кладистика и Ископаемые. *Энтомологическое обозрение*. **89**(1): 85–132.
- Соколов Д.Д. 2006.** Эволюционная ботаника: так много вопросов на поставленные ответы. Мастер-класс для Пантоподы. Издательство КМК. Москва: 149–166.
- Шишкин М.А. 1987.** Индивидуальное развитие и эволюционная теория. *Эволюция и биоэкологические кризисы*. Издательство «Наука», Москва: 76–124.
- Шишкин М.А. 2006.** Индивидуальное развитие и уроки эволюционизма. *Онтогенез*. **37**: 179–198.
- Hull D.L. 1983.** Karl Popper and Plato's metaphor. In: Platnick, V.A. Funk (eds.). *Advances in cladistics*. **2**: 177–189.
- Rasnitsyn A.P. 1996.** Conceptual issues in phylogeny, taxonomy, and nomenclature. *Contributions to Zoology*. **66**: 3–41.