

ГЕНЕТИКИ «РЕДАКТИРУЮТ» РОДОСЛОВНОЕ ДРЕВО ПТИЦ

Второе место среди десятки самых значительных научных достижений 2014 г. редакторы журнала *Science* отдали работам большого коллектива эволюционных биологов, которые с помощью современных молекулярно-генетических методов провели «ревизию» родословной птиц – наиболее многочисленного и широко распространенного класса современных позвоночных, – оценив темп и направление эволюционных переходов внутри этой группы на основе анализа геномов представителей разных таксонов пернатых

Птицы на протяжении столетий привлекали особое внимание исследователей, поэтому неудивительно, что многие открытия в различных областях биологической науки были сделаны при исследовании именно этих высших позвоночных. Вспомним, что даже в формировании теории происхождения видов важнейшую роль сыграли галапагосские вьюрки, так что этих птиц теперь по праву называют «дарвиновыми». Эти небольшие певчие птицы, относящиеся к *танагровым* – семейству всеядных птиц Нового Света, не так давно заселили Галапагосский архипелаг, где успели «произвести» на свет более десяти видов, различающихся размером, окраской оперения и строением клюва. Во время своего знаменитого путешествия на корабле «Бигль» Чарльз Дарвин посетил Галапагосы, где и наблюдал удивительное разнообразие этих птиц, являющееся более чем наглядной и убедительной иллюстрацией их недавней эволюции (по современным оценкам, предок современных галапагосских вьюрков попал на острова не ранее 2–3 млн лет назад).

Теория эволюции Дарвина оказала важнейшее влияние на развитие современной науки. Одним из существенных ее следствий стало понимание, что жизнь на Земле можно представить в виде своеобразного дерева – что ныне живущие виды происходят от каких-то вымерших предков, а те, в свою очередь, восходят к каким-то еще более далеким предкам. По мере удаления в прошлое «ветви», представленные современными видами, сливаются во все более толстые «сучья» и заканчиваются единым «стволом» – предполагаемым предком всего живого на Земле. Очень примечательно, что именно такое дерево жизни, которое можно уподобить генеалогическому дереву человеческого рода, было единственной иллюстрацией в первом издании знаменитой книги Ч. Дарвина «Происхождение видов...».

С момента зарождения теории эволюции Дарвина ученые пытаются воссоздать дерево жизни для всех ныне живущих на земле организмов, и именно птицы долгое время, что называется, «задавали тон» в подобных исследованиях. Во второй половине XIX в. материал для реконструкции такого дерева жизни (или, на современном языке – «филогенетического дерева») ученые черпали во внутреннем строении организмов. Уже Дарвину было понятно, что внешнее строение животных может меняться в зависимости от условий среды, при этом животные, приспособившись к сходным условиям, могут стать удивительно похожими друг на друга. В этом смысле



ЗЕЛЕНКОВ Никита Владимирович – кандидат биологических наук, заведующий кабинетом палеорнитологии Палеонтологического института им. А. А. Борисяка РАН (Москва). Автор и соавтор 67 научных работ

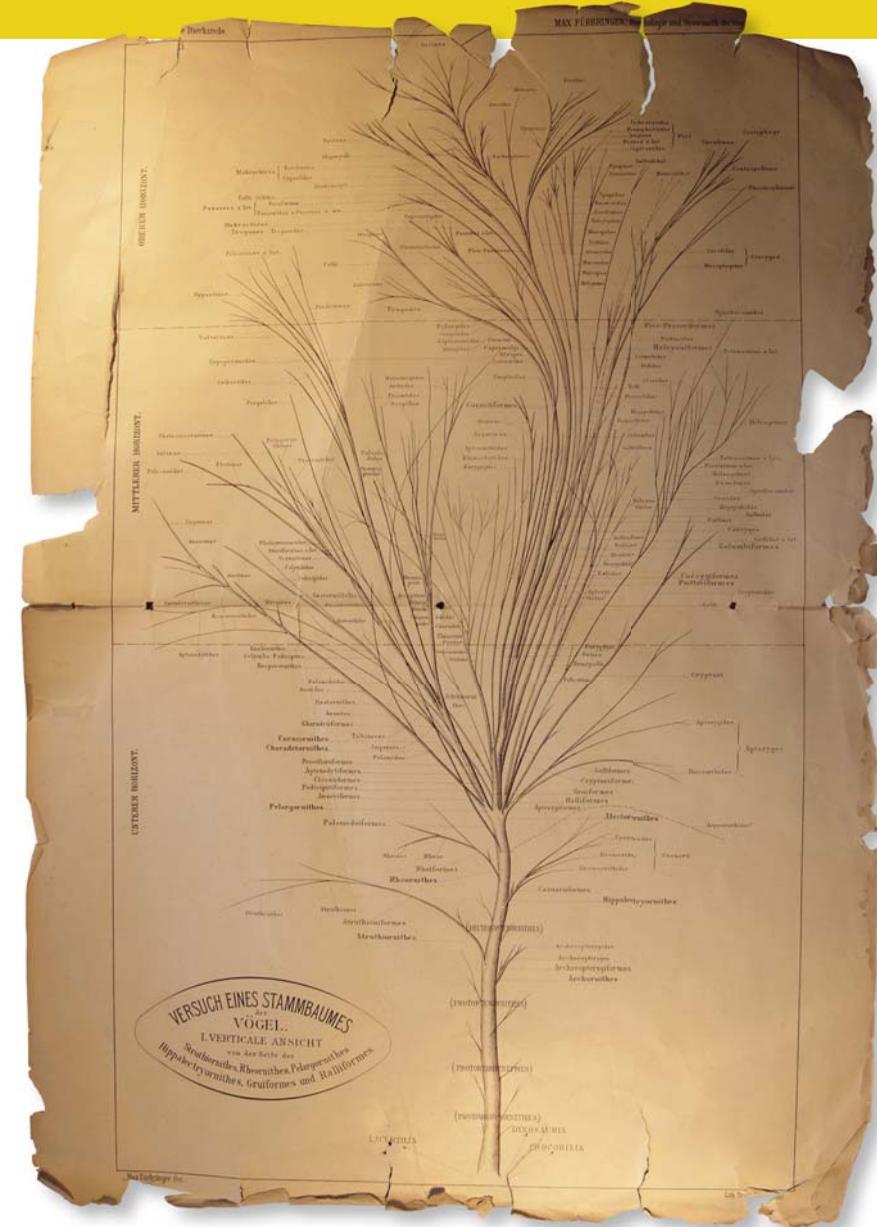
Ключевые слова: птицы, филогенетическое дерево, история орнитологии, филогеномика.
Key words: birds, phylogenetic tree, history of ornithology, phylogenomics

© Н. В. Зеленков, 2015

хорошим примером являются такие рыбы, как акулы, и касатки – водные млекопитающие.

В XIX в. считалось, что анатомия внутренних органов гораздо меньше или даже совсем не зависит от условий среды, и поэтому именно она годится для выявления родственных связей между организмами. С этой целью была исследована мускулатура, кости, кровеносная система и некоторые другие системы органов различных видов птиц. На основе сходства внутреннего строения и благодаря усилиям ряда ученых к концу этого столетия удалось построить вполне сносное филогенетическое дерево птиц, которое более или менее исправно служило биологам и на протяжении большей части XX в. Самую заметную роль в создании базисных идей о взаимном родстве птиц сыграл немецкий анатом М. Фюрбрингер, издавший в 1888 г. поистине гигантский фолиант по сравнительной анатомии птиц, содержащий свыше 1700 страниц современного формата А3 (Fürbringer, 1888).

Нужно сказать, что дерево, отражающее представления ученых конца XIX в. о родственных отношениях птиц, мало менялось в течение последующих десятилетий, а в некоторых странах (например, в России) орнитологи предпочитают придерживаться его и поныне. Откройте любой определитель птиц на русском языке, и вы убедитесь, что он начинается с поганок и гагар – птиц, хорошо приспособленных к водному образу жизни и поэтому похожих, но далеко не близкородственных. Хотя уже в 1970–1980-х гг. стало



Так выглядело одно из первых филогенетических деревьев птиц, предложенное немецким ученым М. Фюрбрингером на основе тщательного изучения их сравнительной анатомии.
По: (Fürbringer, 1888)

ясно, что в традиционных представлениях о родстве между птицами имеются многочисленные ошибки, что внутренняя анатомия также подвержена параллельной эволюции, поэтому сходство между птицами может не отражать их происхождение от недавнего общего предка.

Одними из первых на недостатки традиционной классификации птиц обратили внимание, пожалуй, палеонтологи, изучавшие вымерших представителей. Анатомы, которые к этому времени начали исследовать внутреннее строение животных совершенно на другом уровне, также стали задаваться вопросами о родственных отношениях птиц между собой. Отдельные ученые предпринимали попытки улучшить птичье филогенетическое дерево, однако эти усилия не имели особого успеха – во многом потому, что орнитологическое сообщество упорно не хотело пересматривать традиционные представления о родстве пернатых между собой.

Ситуация в корне переменялась в 1990 г., когда была опубликована эпохальная книга американских орнитологов Ч. Сибли и Д. Олквиста, посвященная молекулярной эволюции птиц (Sibley, Ahlquist, 1990), – первая в истории науки работа, охватившая молекулярную эволюцию крупной группы животных. Авторы книги построили совершенно новое филогенетическое древо птиц исключительно на основе сходства их ДНК, при этом от традиционной классификации птиц не осталось и следа. Например, на удивление всех орнитологов, ближайшими родичами певчих птиц выступили голуби, журавли и аисты, но вовсе не дятлы, как это считалось ранее. Зато дятлы и туканы вдруг оказались представителями одной из самых древних независимых линий, при том что они и внешне, и по внутреннему строению очень похожи на певчих птиц.

Новая классификация птиц Сибли и Олквиста была встречена очень резкой критикой – во многом из-за проблем с методологией. Время показало, что это филогенетическое древо действительно было во многом ошибочным, однако его значение для развития науки об эволюции птиц трудно переоценить. Именно эта работа заставила рядовых орнитологов допустить саму мысль о том, что традиционные представления о родственных отношениях между птицами могут быть в принципе неверными.

С середины 1990-х гг. отмечается всевозрастающий интерес к проблеме родственных отношений между птицами. По этой теме ежегодно публикуются десятки работ, благодаря чему у нас постепенно выстраивается все более ясная картина нового древа жизни птиц. Какие-то из традиционных воззрений подтверждаются, какие-то полностью отвергаются. При этом на первое место по значимости выходят данные анализа последовательности нуклеотидов в молекулах ядерной ДНК (не просто сходство, как у Сибли и Олквиста, а «продвинутое» сходство).

Исследования отдельных генов и редких геномных изменений позволили выявить много нового и порою неожиданного. Так, в 2001 г. было обнаружено, что ближайшими родственниками поганок являются вовсе не гагары, так на них похожие, а фламинго, с которыми у поганок, казалось бы, нет ничего общего! Поначалу сближение поганок и фламинго представлялось какой-то ошибкой молекулярных биологов, однако исследования все новых и новых генов подтверждали их близкое родство. Позже выяснилось, что у поганок и фламинго на пальцах ног имеются ногти, а у всех остальных птиц – когти, что добавило уверенности в правомерности сближения этих птиц. В конце концов удалось найти и давно вымершую группу птиц – промежуточную между фламинго и поганками. Ими оказались ископаемые фламинго *палелодиды*, которые в отличие от современных были очень хорошо приспособлены

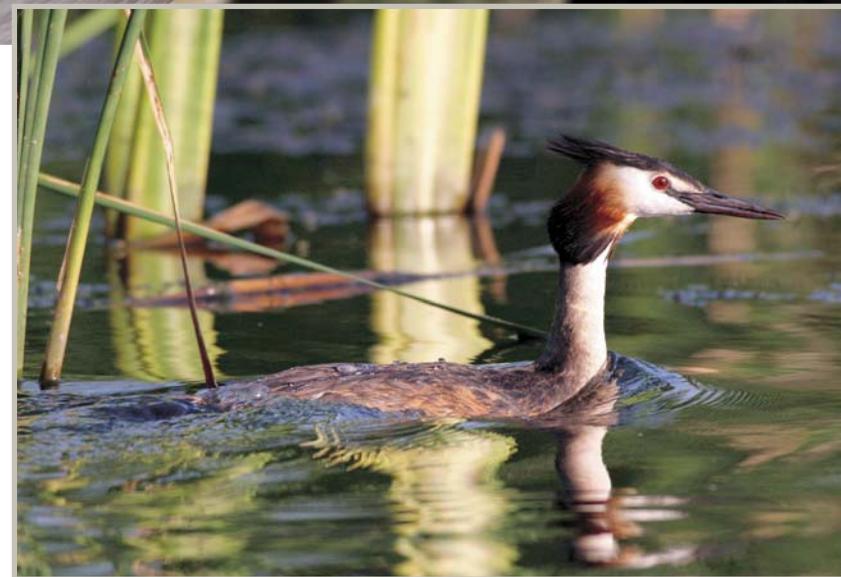
к плаванию и, возможно, даже к нырянию (хотя современные фламинго в принципе могут плавать, однако они мало адаптированы к такому занятию).

В результате тщательнейших исследований, проведенных множеством специалистов за последние 15 лет, представления о древе жизни птиц были полностью переработаны. Если бы мы сегодня создавали новый определитель птиц России, то должны были бы начинать его уже не с гагар и поганок, а с гусей, уток и фазанов, которые оказались близкими родственниками и самыми примитивными из наших птиц. Поганки и фламинго, о которых шла речь выше, могли бы идти следом. Ближайшими родственниками певчих птиц могут быть либо попугаи, либо соколы. А вот ястребы, которые раньше считались родственниками соколов, теперь помещаются совсем в другую эволюционную ветвь. Уже нет сомнений, что стрижи и колибри родственны козодоям, а цапли – не аистам, а веслоногим (например, пеликанам). Что дрофы – это отдельная линия птиц, не родственная журавлеобразным, как считалось ранее. Такую новую классификацию птиц, учитывающую современные достижения молекулярной биологии и палеонтологии, автор предложил в позапрошлом году (Зеленков, 2013).

Хотя мы сейчас, несомненно, знаем о родстве между различными группами птиц намного больше, чем раньше, неясного осталось еще предостаточно. Например, не до конца понятно, какое положение на филогенетическом древе птиц занимают голуби, совы, дрофы и др. В настоящее время считается, что ответить на ряд вопросов поможет исследование всего генома (до сих пор исследовались только отдельные гены либо относительно небольшие «порции» генома).

В связи с этим так важны результаты геномного исследования филогенетического дерева птиц, опубликованные в одном из недавних выпусков *Science* (Jarvis *et al.*, 2014). Авторы этой работы – очень большой коллектив ученых, исследовали полный геном у представителей всех отрядов птиц и на этом основании построили новое филогенетическое древо, которое можно назвать очередным существенным шагом вперед к пониманию родства между современными пернатыми. Нужно отметить, что полученное авторами филогенетическое древо предоставило очень мало сюрпризов: большинство обнаруженных ими ветвей так или иначе уже были выявлены в последние десятилетия (например, те же поганки и фламинго). Но есть и новые интересные результаты: например, ближайшими родственниками фламинго и поганок в нашей фауне могут оказаться голуби, а ближайшими родственниками дроф – кукушки.

Особенно важно то, что теперь мы знаем, что современные представления о родстве между птицами базируются на основе сходства не только между отдельными



Согласно генетическим исследованиям, эта чомга (или большая поганка) и розовый фламинго являются близкими родственниками. Птиц объединяет и наличие на лапах ногтей, а не когтей, как у всех птиц. Фото А. Юрлова и В. Глупова (ИСиЭЖ СО РАН, Новосибирск)

Литература

Зеленков Н. В. Система птиц (Aves: Neornithes) в начале XXI века // Тр. Зоологического ин-та РАН. 2013. Прил. № 2. С. 174–190.

Jarvis E. D. *et al.* Whole-genome analyses resolve early branches in the tree of life of modern birds. // *Science*. 2014. V. 346. N. 6215. P. 1320–1331.

Sibley C. G., Ahlquist J. E. *Phylogeny and classification of birds: a study in molecular evolution*. Yale University Press, New Heaven, London, 1990. 976 p.

генами и их комбинациями, но и всего генома. Дальнейшее развитие этого направления видится в изучении все большего числа геномов от птиц разных видов, ведь именно от этого во многом будет зависеть форма ветвления полученного филогенетического древа. Можно утверждать, что несмотря на долгий прогресс в науке об эволюции птиц, мы все еще стоим на пороге больших открытий.