

# ЛИНЕЕВСКИЙ ВИД КАК СИСТЕМА: КОНЦЕПЦИЯ ВАВИЛОВА В КОНТЕКСТЕ СОВРЕМЕННЫХ ПРЕДСТАВЛЕНИЙ

Абрамсон Н.И.

Зоологический институт РАН

***Совместное заседание  
Вавиловского семинара ВИР  
и секции ВОГИС ВИР,***

посвященное

128-й годовщине со дня рождения Н.И. Вавилова  
и 85-летию [Вавиловской концепции вида](#)

25 ноября 2015 г.  
Санкт-Петербург

АКАДЕМИК Н. И. ВАВИЛОВ

Б4366  
50 48

ЛИННЕЕВСКИЙ ВИД  
КАК СИСТЕМА

59796

ГНУ ВИР  
Россельхоз  
академии  
НСХБ

ГОСУДАРСТВЕННОЕ ИЗДАТЕЛЬСТВО НАУЧНАЯ  
СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННОЙ И КОЛХОЗНОЙ ЛИТЕРАТУРЫ  
КООПЕРАТИВНОЙ ЛИТЕРАТУРЫ Библиотека  
МОСКВА 1931 ЛЕНИНГРАД ГНУ ВИР Санкт-Петербургская  
Россельхозакадемия





# Общий план

- Основные положения ВКВ
- Ведущие школы и современные концепции вида (доминирующие)
- Филогеография, молекулярные методы и видовые границы
- Кризис концепции подвида и классификации внутривидового разнообразия
- Актуальность положений ВКВ

## линеевский вид - синоним «линеона

«огромный фактический материал привел нас к концепции линеевского вида **как сложной системы форм...**»

к понятию видов как закономерных, действительно существующих реальных комплексов, подвижных систем, которые могут охватывать **категории разного объема** и в своем историческом развитии связаны со средой и ареалом

Для разграничения видов необходимо принимать во внимание, как показывает наш опыт, помимо морфологических признаков, их физиологическую обособленность, нескрещиваемость, географическую и экологическую обособленность.

# «Эволюционная систематика»

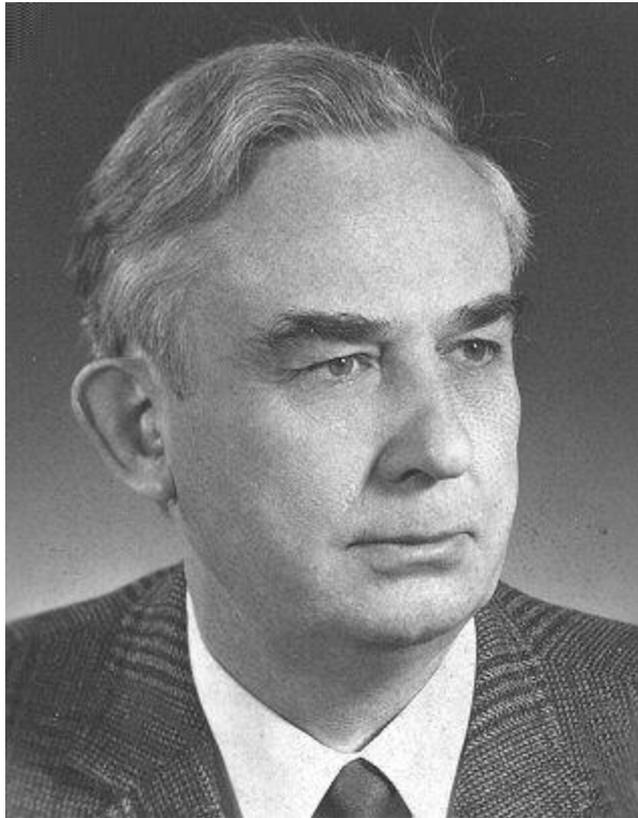


В построении филогении и системы учитываются все данные, не только родство (ветвление, топология- **кладогенез**), но и последующая дивергенция (**анагенез**) приводящая к освоению новых адаптивных зон

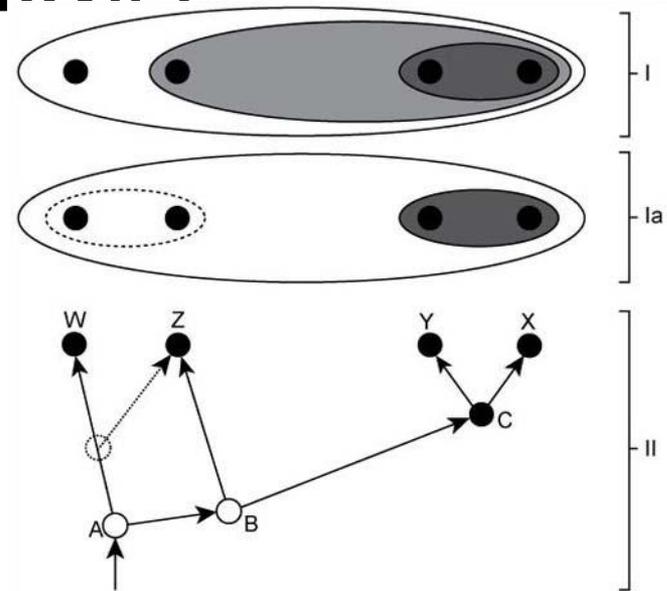
# БИОЛОГИЧЕСКАЯ КОНЦЕПЦИЯ ВИДА

- Вид – это группа скрещивающихся естественных популяций, репродуктивно изолированных от других таких популяций (Mayr, 1970/1974)
- Степень морфологического различия не является решающим критерием для признания вида.

# Филогенетическая систематика («кладистика»)



В. Геннинг (Henning)



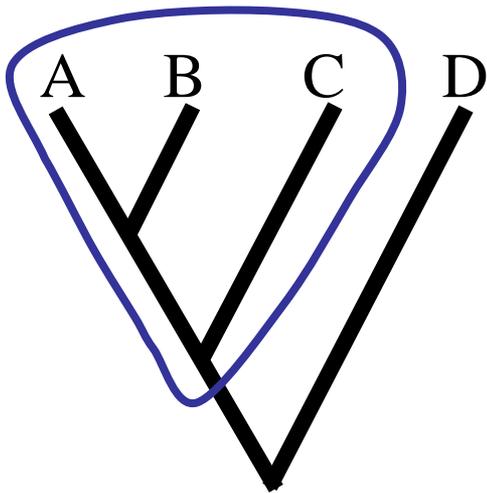
## Основные идеи

- Для построения иерархической системы используется только сведения о ближайшем общем предке (не общее сходство!!)
- Родственные связи отображаются в виде дерева, на котором только последовательность событий видообразования

# Филогения и систематика: основные понятия

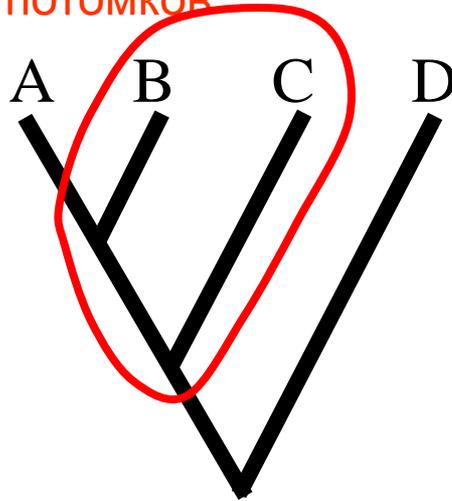
## Монофилитическая группа

Включает предка и всех его потомков



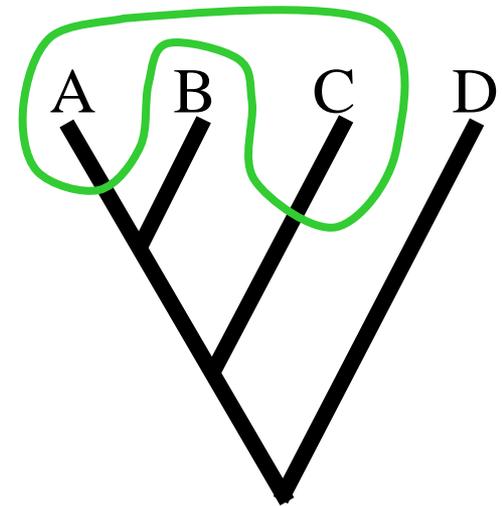
## Парафилитическая группа

Включает предка и часть, но не всех его потомков



## Полифилитическая группа

Включает потомков разных предков



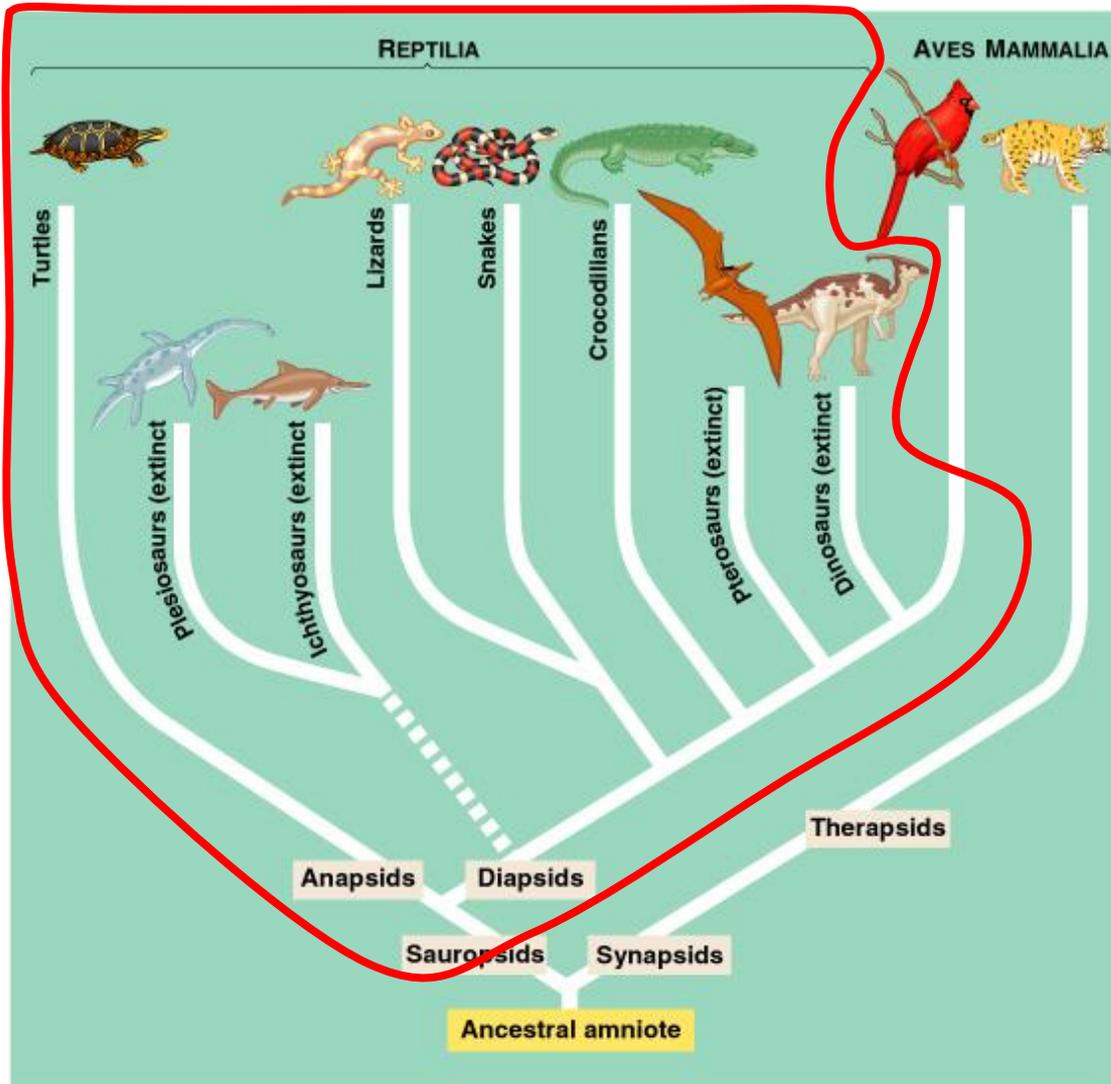
Почему так происходит? таксон A сильно Видоизменен и не похож на B, C и предка

Таксоны A и C обладают Сходными признаками Благодаря конвергенции

Только монофилитические группы (клады) признаются в филогенетической систематике (кладистике)

# Парафилитические группы

рептилии



парафилия

Из всех современных позвоночных птицы наиболее близки крокодилам, Архозавры = птицы + крокодилы

Под классом рептилии обычно подразумевают черепах, ящериц, змей и крокодилов

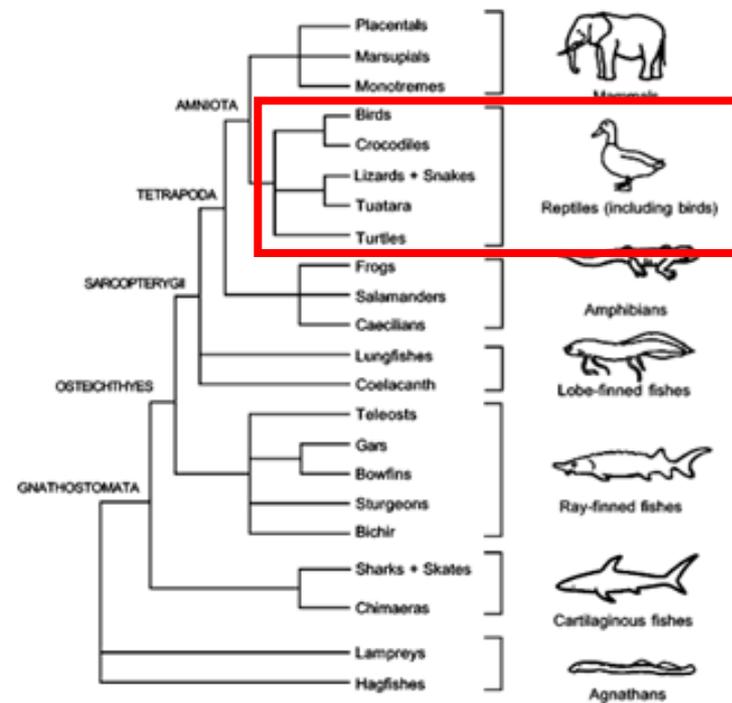
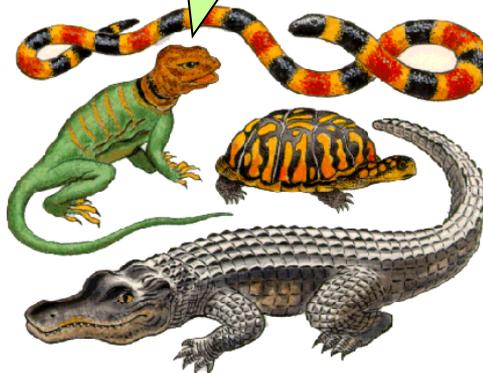
Но рептилии таким образом парафилитическая группа, пока она не включает птиц !!

# И что все это значит?

Это значит, что  
“рептилии” не  
существуют!



Нет, это означает,  
что вы одни из нас



Это означает что “рептилии” будет  
валидной кладой только если  
*включить* птиц  
Птицы остаются конечно птицами  
Но Aves нельзя рассматривать  
как «класс» равнозначный классу Reptilia  
Поскольку эволюционно он включен  
в Reptilia

**Reptilia**

**Aves  
(birds)**

**Turtles**

**Crocodiles**

**Lizards and snakes**

**Клювоголовые**

# ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКАЯ КОНЦЕПЦИЯ ВИДА (ФКВ)

- «наименьшую совокупность популяций (бисексуальных) или (агамных) видов, диагностируемых по уникальному сочетанию признаков» (Wheeler & Platnick, 2000, p.58)
- или «неразложимый (irreducible) кластер организмов, диагностически отличный от других таких кластеров, внутри которого существуют отношения предков и потомков» (Cracraft, 1989, p.34-35)

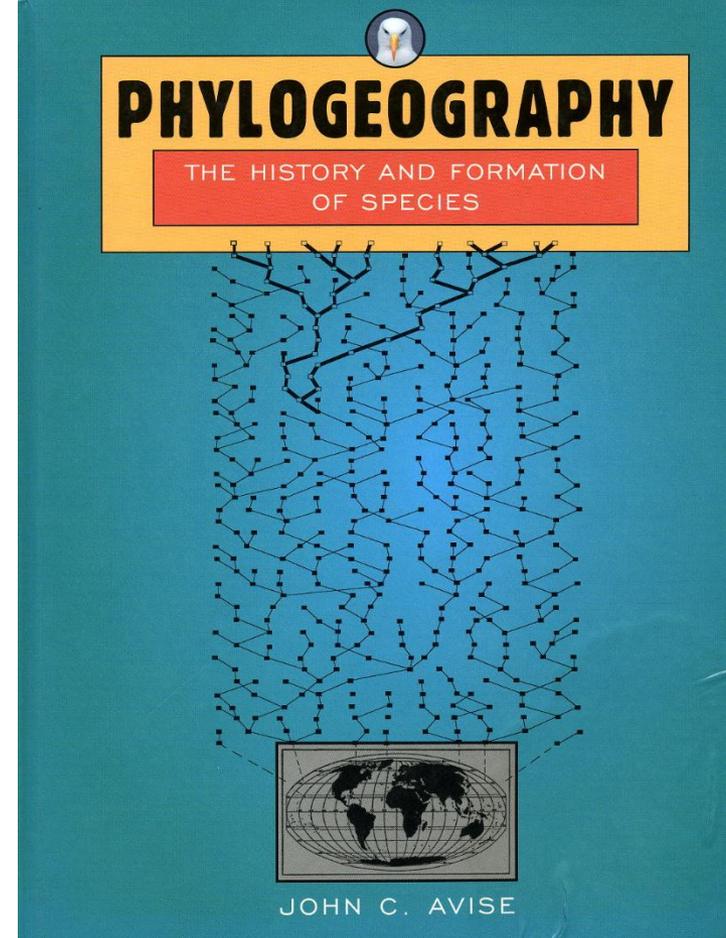
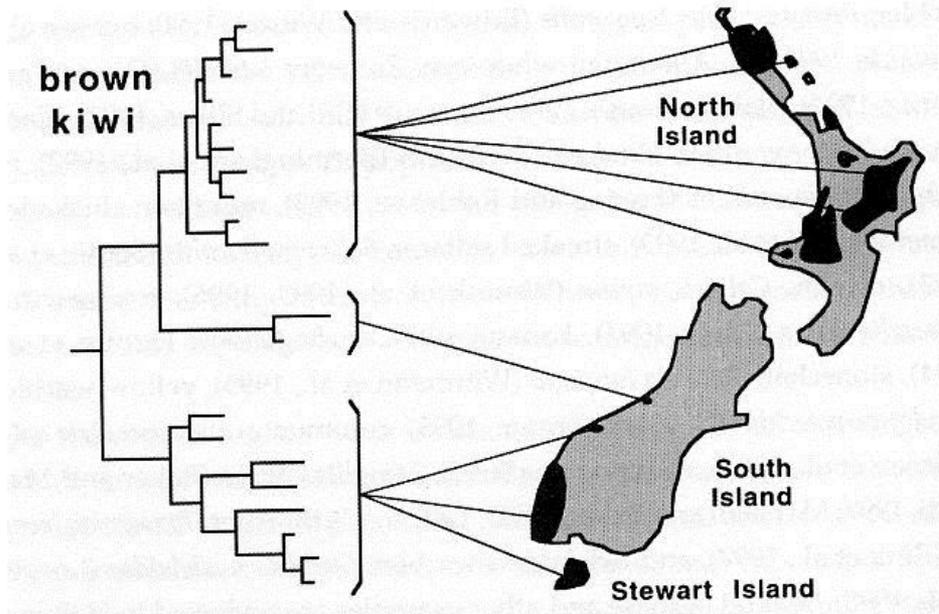
# ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКАЯ КОНЦЕПЦИЯ ВИДА (ФКВ) и филогеография

- строго монофилитичные виды
- основа для их выделения -генные деревья – «древесное мышление»  
Кладистическая революция (“tree thinking”) (“tree-based approach” - Sites & Marshall, 2004).

- J. Avise et al. 1987.

Intraspecific **phylogeography**:  
the mitochondrial DNA bridge  
between population genetics  
and systematics

- Molecular Ecology, 1998,  
vol.7, No 4



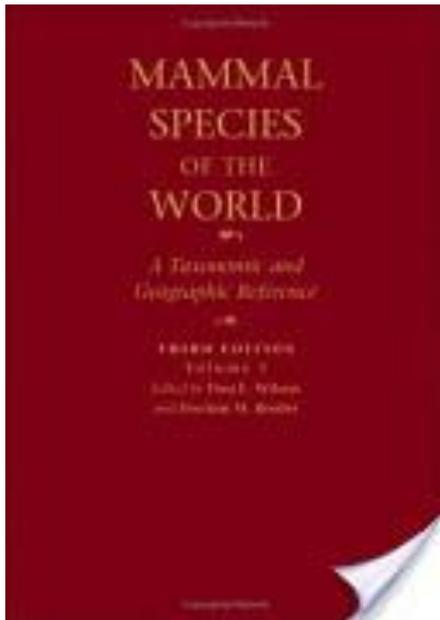
«пространственное  
распределение генеалогических  
групп»

# Филогеография, молекулярные маркеры, ФКВ и границы видов

- «таксономическая инфляция» (Isaac et al., 2004)
- отказаться от концепции вида (Hendry et al., 2000 )
- концепции Филокода (<http://www.phylocode.org>) -безранговая система, основанная на кладах.

## Baker & Bradley, 2006: Genetic species concept and speciation in mammals

species	N	phylogroups > 5%	Cryptic species
Geomys bursarius	10	4	3
G. personatus	13	5	4
Peromyscus pectoralis	10	2	1
Reithrodontomys microdon	7	3	2
61 species	718	87	55



787 новых видов / 260 новых видов,  
а 527 (10% от всех видов млекопитающих)  
подвиды восстановленные до видового  
ранга



## Point of View

## Species inflation and taxonomic artefacts—A critical comment on recent trends in mammalian classification

Frank E. Zachos<sup>a,\*</sup>, Marco Apollonio<sup>b</sup>, Eva V. Bärmann<sup>c</sup>, Marco Festa-Bianchet<sup>d</sup>, Ursula Göhlich<sup>a</sup>, Jan Christian Habel<sup>e</sup>, Elisabeth Haring<sup>a,f</sup>, Luise Kruckenhauser<sup>g</sup>, Sandro Lovari<sup>g</sup>, Allan D. McDevitt<sup>h</sup>, Cino Pertoldi<sup>i</sup>, Gertrud E. Rössner<sup>j,k,l</sup>, Marcelo R. Sánchez-Villagra<sup>m</sup>, Massimo Scandura<sup>b</sup>, Franz Suchentrunk<sup>n</sup>

<sup>a</sup> Naturhistorisches Museum Wien, Vienna, Austria

<sup>b</sup> Dipartimento di Scienze della Natura e del territorio, Università di Sassari, Sassari, Italy

<sup>c</sup> Museum of Zoology, Cambridge, United Kingdom

<sup>d</sup> Département de biologie, Université de Sherbrooke, Sherbrooke, Canada

<sup>e</sup> Department of Behavioural Genetics, Universität Trier, Trier, Germany

<sup>f</sup> Department of Evolutionary Biology, Universität Wien, Vienna, Austria

<sup>g</sup> Department of Environmental Sciences, University of Siena, Siena, Italy

<sup>h</sup> School of Biology and Environmental Science, University College Dublin, Belfield, Dublin, Ireland

<sup>i</sup> Department of Biological Sciences, University of Aarhus, Aarhus, Denmark

<sup>j</sup> Bayerische Staatssammlung für Paläontologie und Geologie, Munich, Germany

<sup>k</sup> Department für Geo- und Umweltwissenschaften, Ludwig-Maximilians-Universität München, Munich, Germany

<sup>l</sup> GeoBio-Center<sup>TM</sup>, Munich, Germany

<sup>m</sup> Paläontologisches Institut und Museum, Zurich, Switzerland

<sup>n</sup> Research Institute of Wildlife Ecology, University of Veterinary Medicine Vienna, Vienna, Austria

## ARTICLE INFO

## Article history:

Received 12 June 2012

Accepted 15 July 2012

## Keywords:

Biological species concept

Cryptic species

Genetic species concept

Phylogenetic species concept

Taxonomic inflation

## ABSTRACT

Recently, many new (extant) mammal species have been named, mostly by raising subspecies to species rank. This is primarily a consequence of the phylogenetic species concept (PSC) that has become popular over the last few decades. We highlight several cases of splitting and argue that much of this taxonomic inflation is artificial due to shortcomings of the PSC and unjustified reliance on insufficient morphological and/or genetic data. We particularly discourage species splitting based on data inferred from mitochondrial DNA only and phenetic analyses aimed at diagnosability. Unnecessary acceptance of new species creates an unnecessary burden on the conservation of biodiversity.

© 2012 Deutsche Gesellschaft für Säugetierkunde. Published by Elsevier GmbH. All rights reserved.

## Introduction

In the wake of the “molecular revolution” in biology, systematics and taxonomy have experienced an exciting and fruitful renaissance, from molecular phylogenetics and, recently, phylogenomics to barcoding and DNA taxonomy. Apart from some astonishing and long-awaited breakthroughs with respect to the relationships of

recent examples; perhaps one of the most spectacular (and contentious) being the case of two species of African elephant (below). While doubtless many of these splitting events are just what others are not, and doubts have been raised whether taxonomic splitting might in fact tell us more about taxonomists than about the taxa under study. Indeed, one of the driving forces of this change seems to be a paradigmatic shift in much of the taxonomic

# Критические замечания по поводу последних трендов в классификации млекопитающих

Многие из этих новых видов —

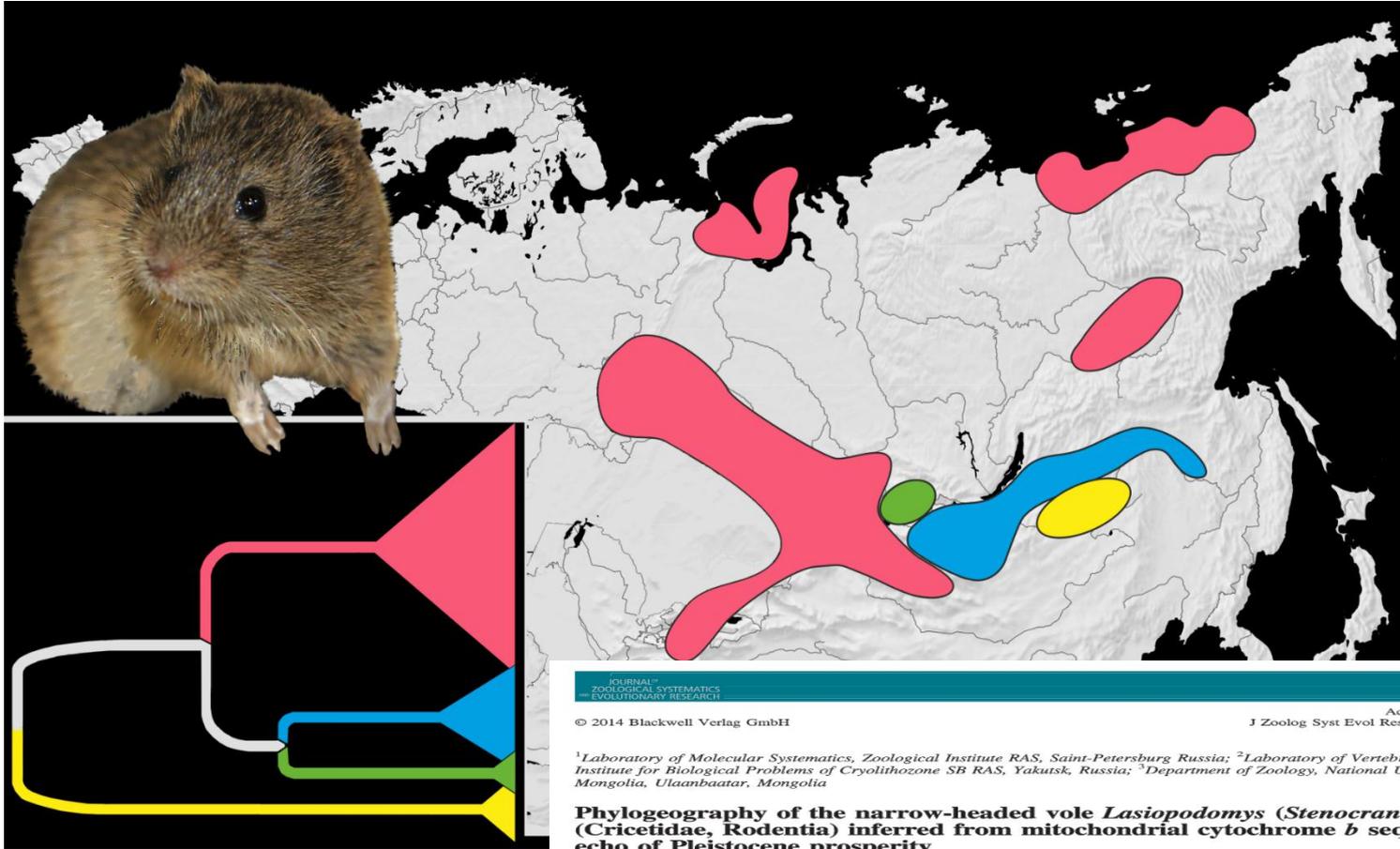
таксономические артефакты

1) в результате неверного применения филогенетической концепции вида и 2) наивной трактовки неубедительных данных

Необходимы убедительные данные по ядерным маркерам или по мтДНК и ядерным маркерам для разделения видов

«Неистовое видодробительство»

# филогеография и систематика узкочерепной полевки *Lasiopodomys (Stenocranius) gregalis*



JOURNAL OF  
ZOOLOGICAL SYSTEMATICS  
EVOLUTIONARY RESEARCH

© 2014 Blackwell Verlag GmbH

Accepted on 24 July 2014  
J Zool Syst Evol Res doi: 10.1111/jzs.12082

<sup>1</sup>Laboratory of Molecular Systematics, Zoological Institute RAS, Saint-Petersburg Russia; <sup>2</sup>Laboratory of Vertebrate Ecology, Institute for Biological Problems of Cryolithozone SB RAS, Yakutsk, Russia; <sup>3</sup>Department of Zoology, National University of Mongolia, Ulaanbaatar, Mongolia

## Phylogeography of the narrow-headed vole *Lasiopodomys (Stenocranius) gregalis* (Cricetidae, Rodentia) inferred from mitochondrial cytochrome *b* sequences: an echo of Pleistocene prosperity

TATYANA V. PETROVA<sup>1,\*</sup>, EUGENIY S. ZAKHAROV<sup>2</sup>, RAVCHIG SAMIYA<sup>3</sup> and NATALIA I. ABRAMSON<sup>1,\*</sup>

### Abstract

A species-wide phylogeographic study of the narrow-headed vole *Lasiopodomys (Stenocranius) gregalis* was performed using the mitochondrial (mt) cytochrome *b* gene. We examined 164 specimens from 50 localities throughout the species distribution range. Phylogeographic pattern clearly demonstrates the division into four major mtDNA lineages with further subdivision. The level of genetic differentiation between them was found to be extremely high even for the species level: about 6–11%. The most striking result of our study is extremely high mutation rate of *cytb* in *L. gregalis*. Our estimates suggested its value of  $3.1 \times 10^{-5}$  that is an order of magnitude higher than previous estimates for *Microtus* species. The mean estimated time of basal differentiation of the narrow-headed vole is about 0.8 Mya. This time estimate is congruent with the known paleontological record. The greatest mitochondrial diversity is found in Southern Siberia where all four lineages occur; therewith, three of them are distributed exclusively in that area. The lineage that is distributed in south-eastern Transbaikalia is the earliest derivative and exhibits the highest genetic divergence from all the others (11%). It is quite probable that with further research, this lineage will turn out to represent a cryptic species. Spatial patterns of genetic variation in populations of the narrow-headed vole within the largest mt lineage indicate the normal or stepping stone model of dispersal to the north and south-west from the Altay region in Middle Pleistocene. Both palaeontological data and genetic diversity estimates suggest that this species was very successful during most of the Pleistocene, and we propose that climate humidification and wide advance of tree vegetation at the Pleistocene–Holocene boundary promoted range decrease and fragmentation for this typical member of tundra-steppe faunistic complex. However, we still observe high genetic diversity within isolated fragments of the range.

**Подвид** - низшая категория в таксономической иерархии, регулируемая Кодексом ЗН

*Определения* Если различия в размерах и форме таковы, что большинство особей одной определенной **географической области** отличаются от большинства особей другой **формой или размерами**, то их можно отнести к разным подвидам ( **E. RAYMOND HALL CRITERIA FOR VERTEBRATE SUBSPECIES, SPECIES AND GENERA: THE MAMMALS 1959, Zoological Subspecies Of Man 1960**).

Продолжительность существования подвида в среднем меньше чем вида.

*критерии*

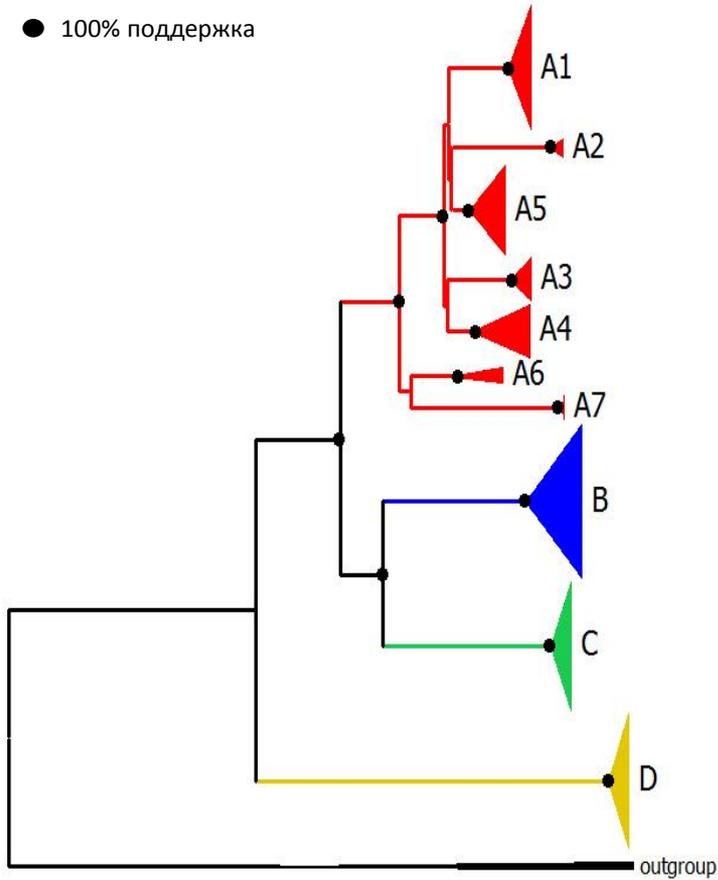
для идентификации чаще всего используется «правило 75%» (Amadon, 1949), когда с точностью до подвида можно определить только 60-90% всех особей подвидов



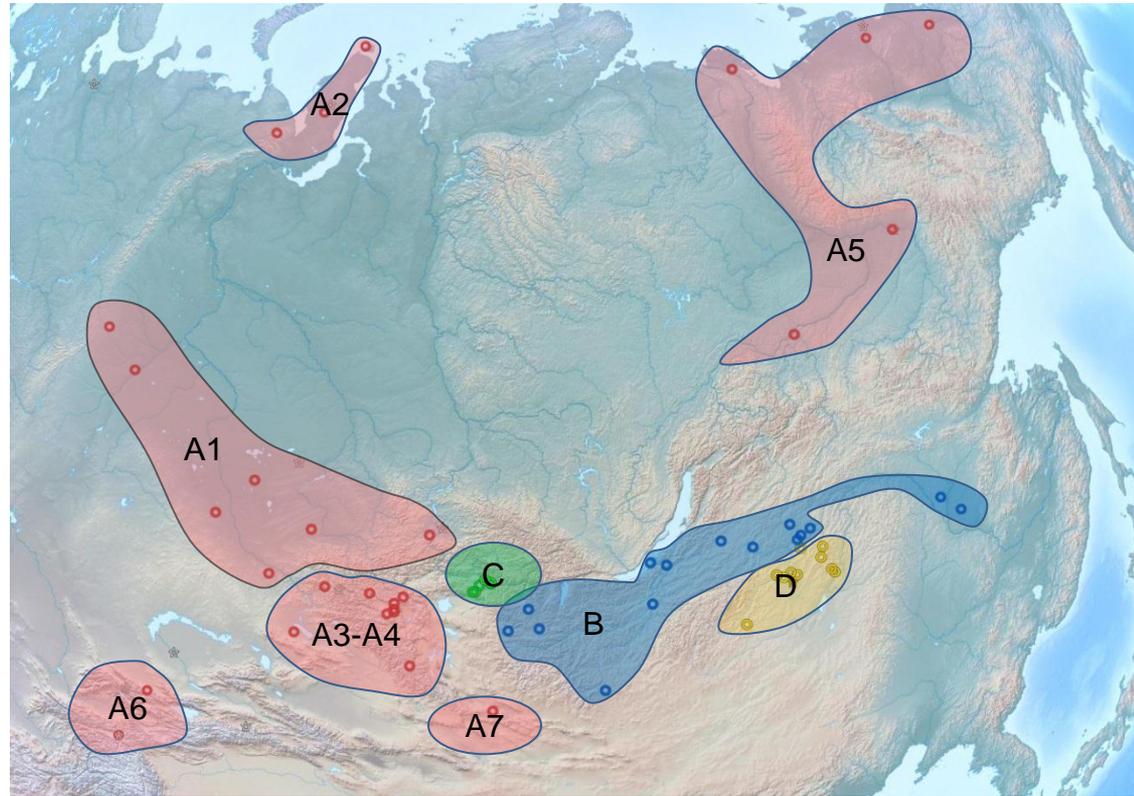
**E. RAYMOND HALL**

# Филогеографическая структура *Lasiopodomys gregalis*

● 100% поддержка



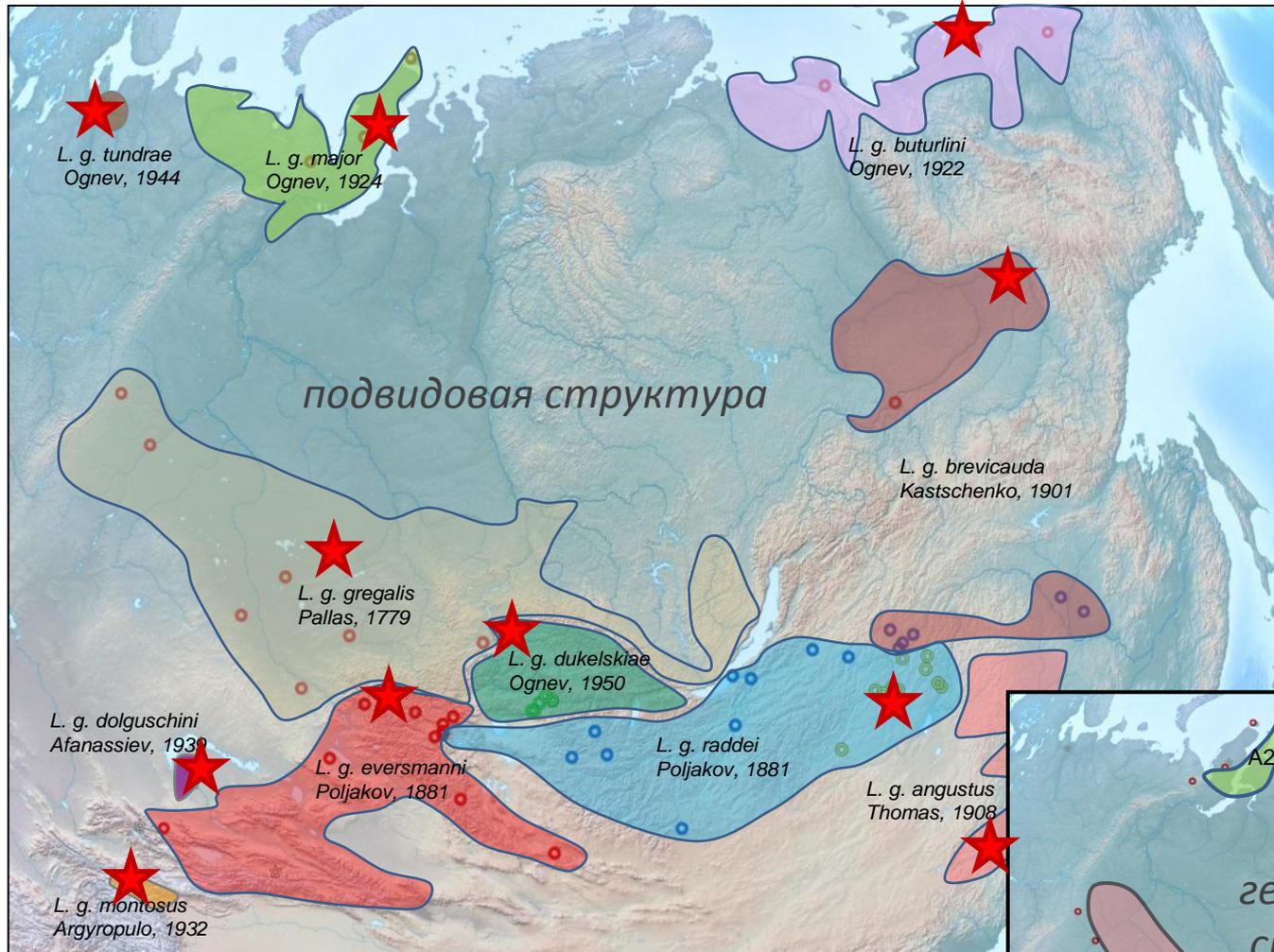
0.02



р-дистанции:  
ниже диагонали – межгрупповые,  
диагональ – внутrigрупповые

	A	B	C	D
A	3%			
B	7,3%	1,5%		
C	7,1%	6,1%	0,4%	
D	10,4%	<b>11,1%</b>	10,5%	0,2%

## 4. Внутривидовая таксономическая структура



- L. g. gregalis* Pallas, 1779
- L. g. eversmanni* Poljakov, 1881
- L. g. montosus* Argyropulo, 1932
- L. g. dukelskiae* Ognev, 1950
- L. g. raddei* Poljakov, 1881
- L. g. dolguschini* Afanassiev, 1939
- L. g. major* Ognev, 1924
- L. g. tundrae* Ognev, 1944
- L. g. buturlini* Ognev, 1922
- L. g. brevicauda* Kastschenko, 1901
- L. g. angustus* Thomas, 1908

★ Типовые территории подвидов



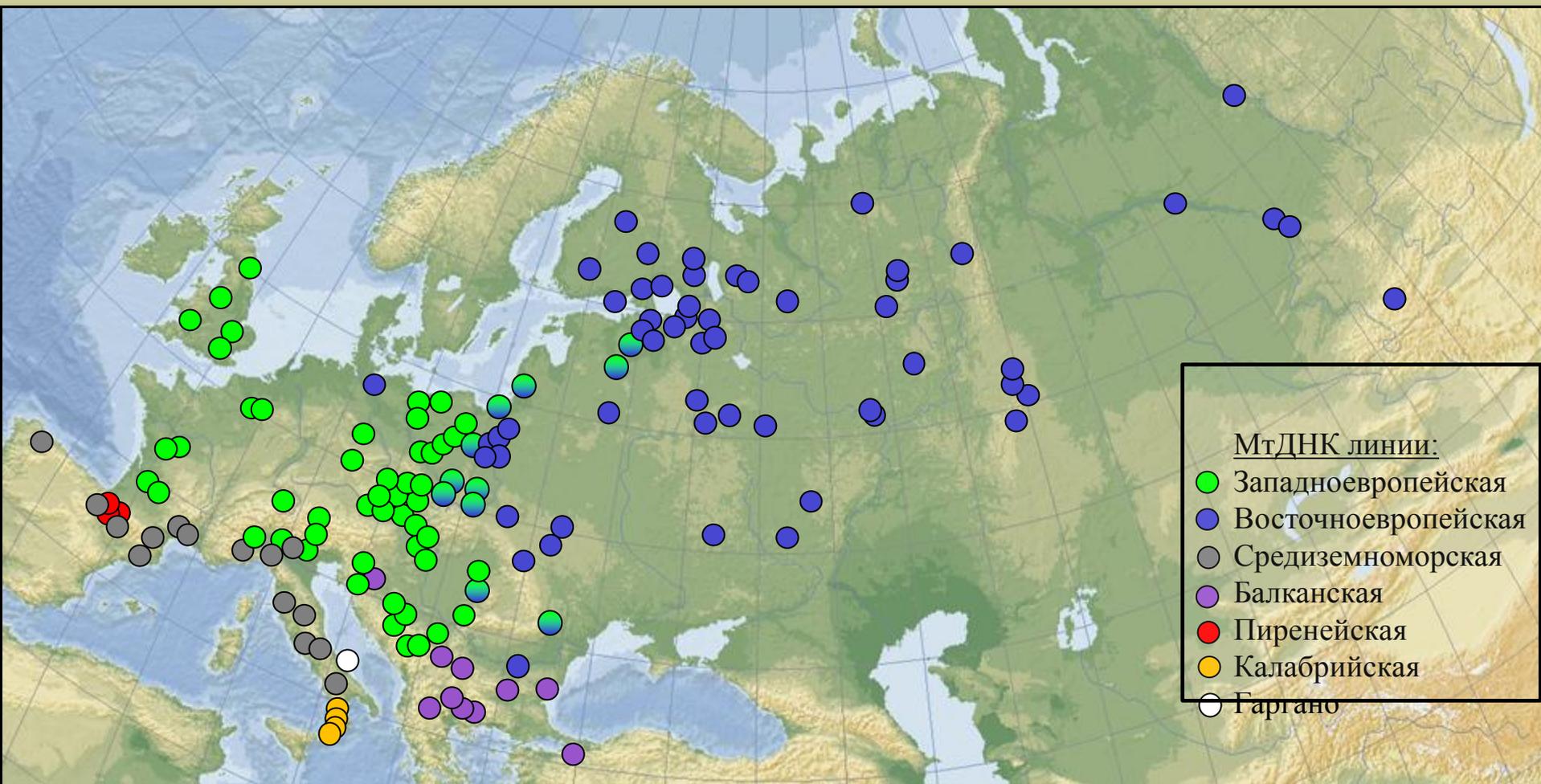
ареалы подвидов *Myodes glareolus*

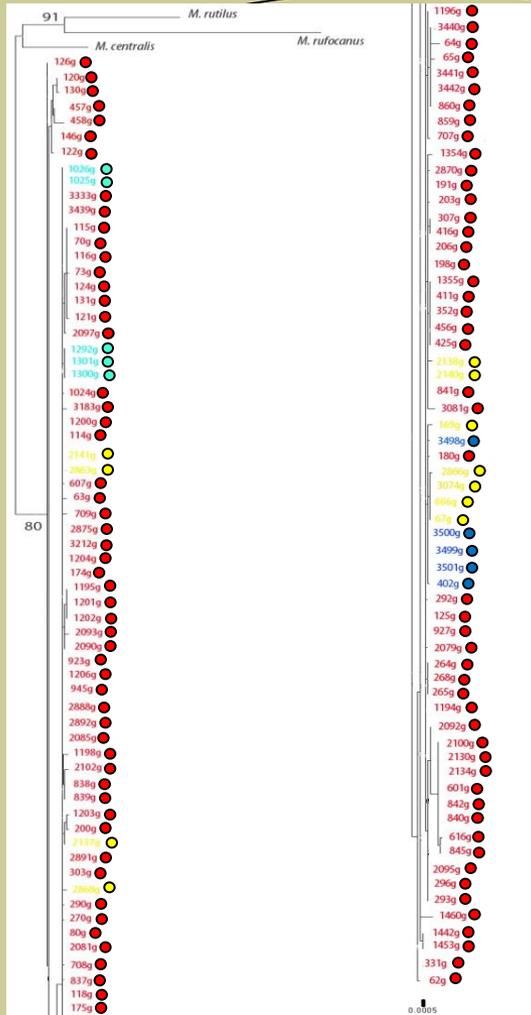


Microsoft © Encarta © Premium Suite 2008. © 1993-2004 Microsoft Corporation. All rights reserved.

- |   |  |   |
|---|--|---|
|  <i>M. g. glareolus</i> Schreber, 1780 |  <i>M. g. norvericus</i> Miller, 1900 |  <i>M. g. garganicus</i> Hagen, 1958               |
|  <i>M. g. nageri</i> Schinz, 1845      |  <i>M. g. hallucalis</i> Thomas, 1906 |  <i>M. g. curcio</i> von Lehmann, 1961             |
|  <i>M. g. suecicus</i> Miller, 1900    |  <i>M. g. ponticus</i> Thomas, 1906   |  <i>M. g. skomerensis</i> Barret-Hamilton, 1903    |
|  <i>M. g. britannicus</i> Miller, 1900 |  <i>M. g. isticus</i> Miller, 1909    |  <i>M. g. caesarius</i> Miller, 1908               |
|  <i>M. g. helveticus</i> Miller, 1900  |  <i>M. g. saianicus</i> Thomas, 1911  |  <i>M. g. erica</i> Barret-Hamilton & Hinton, 1913 |
|   |  |  <i>M. g. alstoni</i> Barret-Hamilton, 1913        |

## Распространение митохондриальных генеалогических линий *M. glareolus*

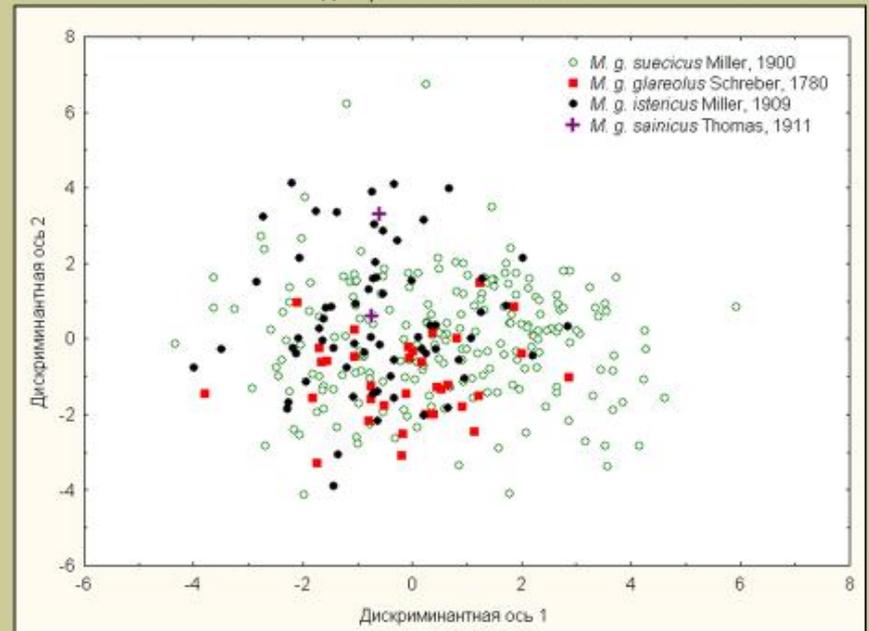




- *M. g. glareolus* Schreber, 1780
- *M. g. isticus* Miller, 1909
- *M. g. suecicus* Miller, 1900
- *M. g. saianicus* Thomas, 1911

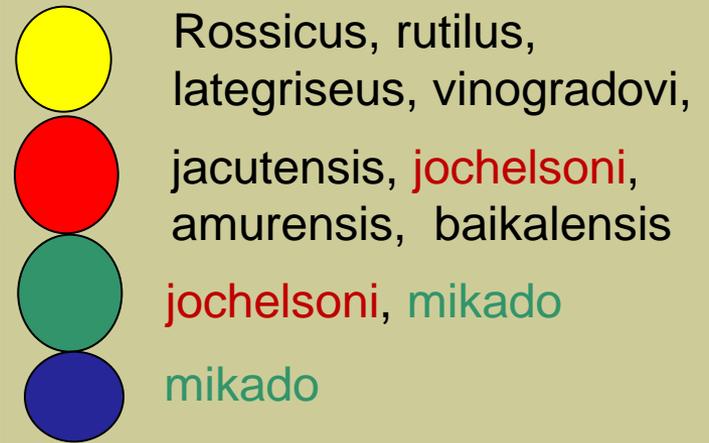
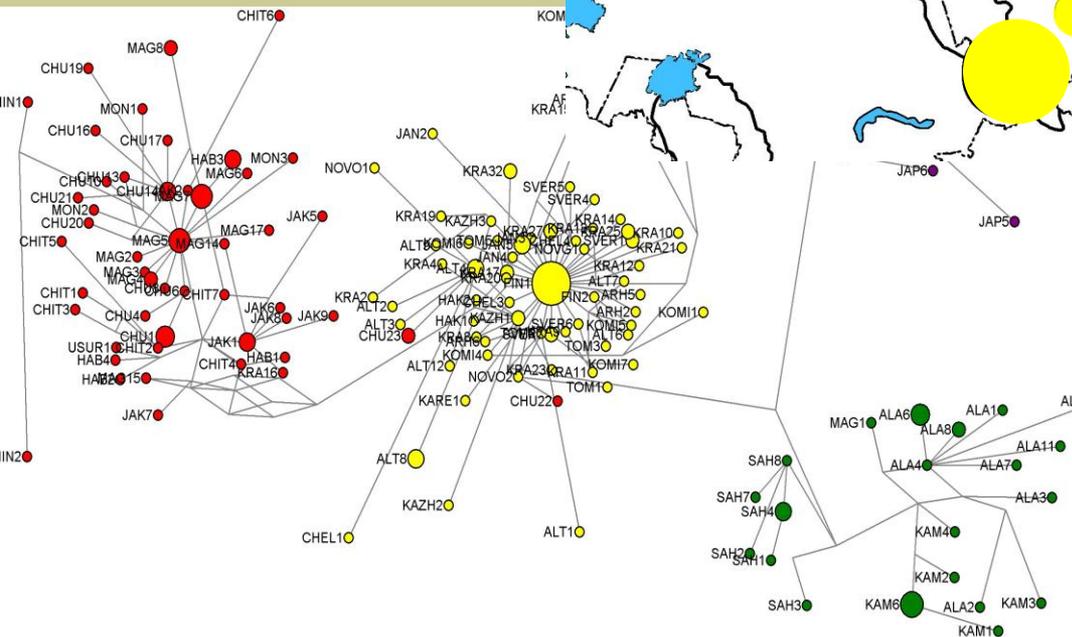
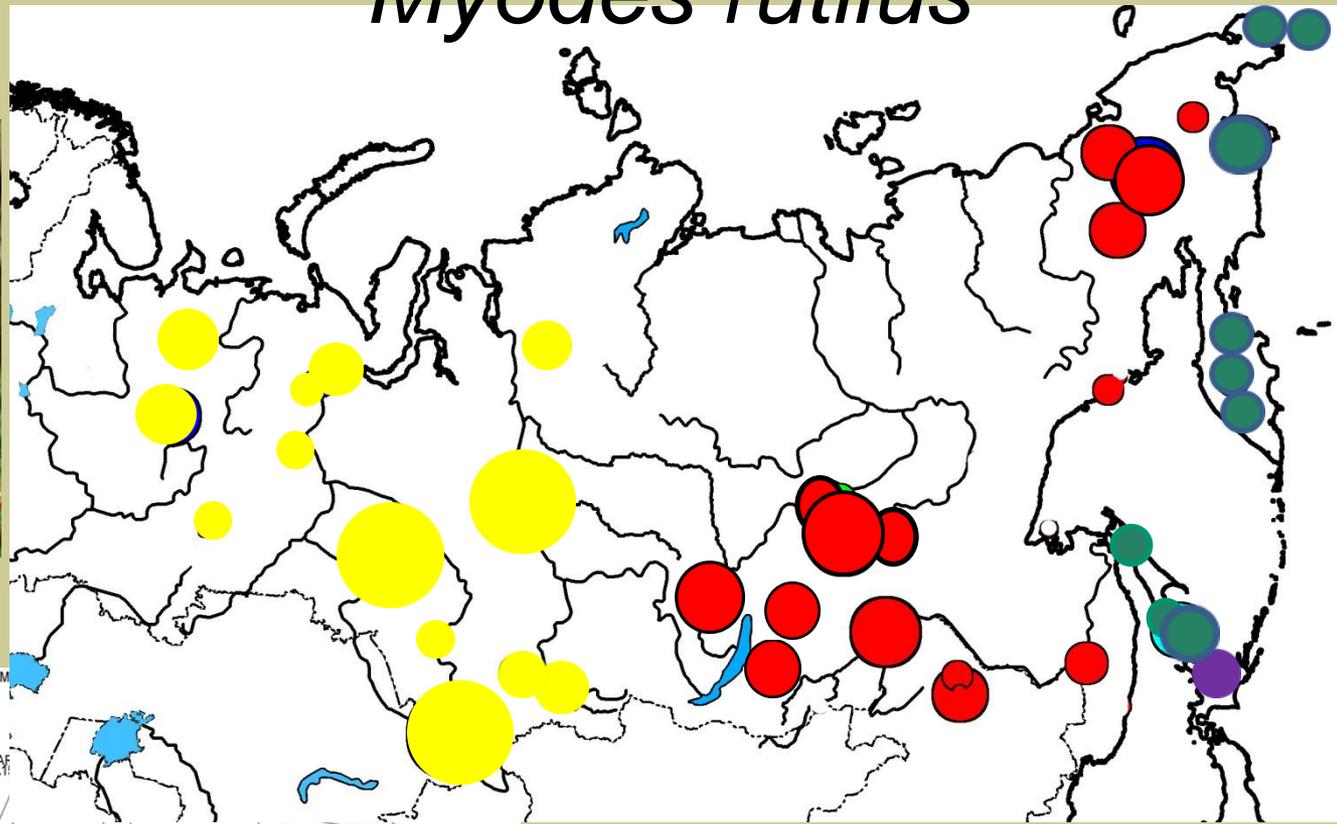
Внутривидовая структура *M. glareolus*

Распределение экземпляров *M. glareolus* в пространстве двух первых канонических дискриминантных осей

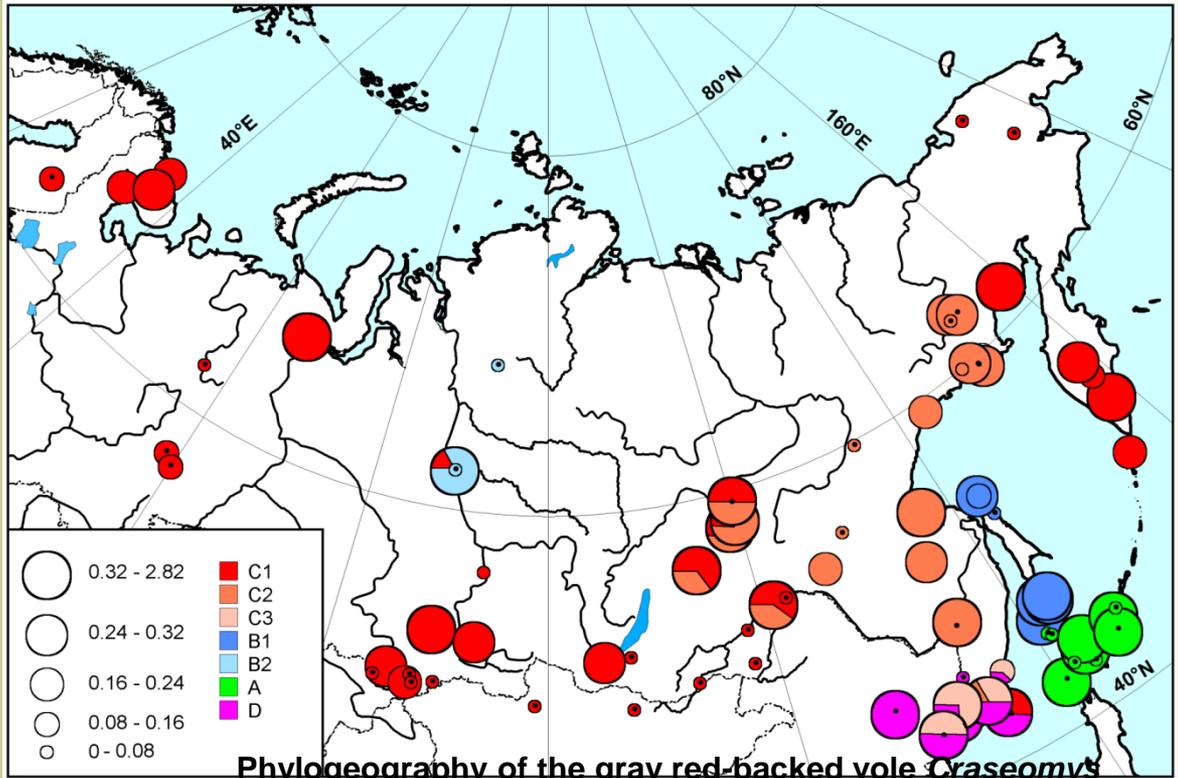


Филогенетическое дерево  
*M. glareolus*, построенное методом  
 NJ (K2P), по 129  
 последовательностям цитохрома *b*

# *Myodes rutilus*

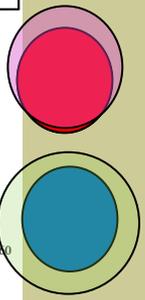
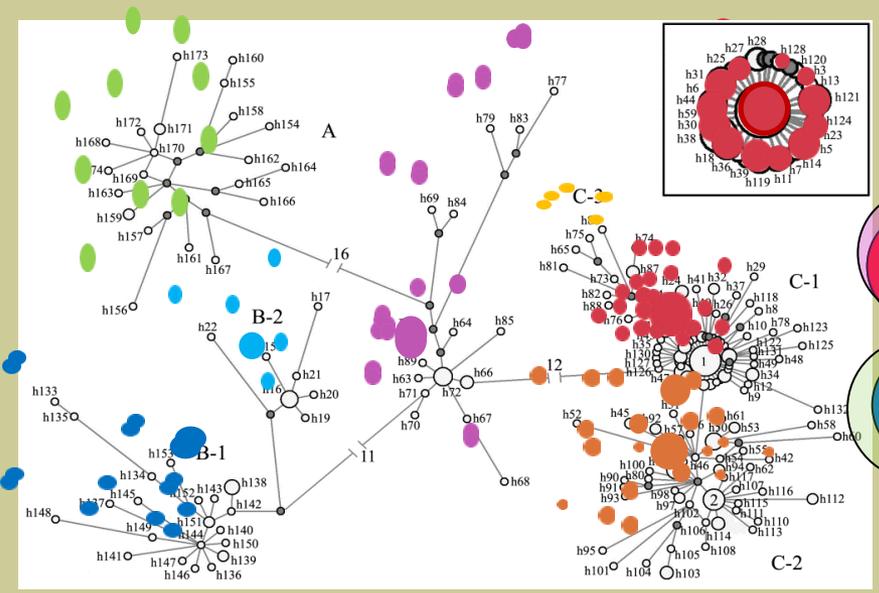


# Myodes rufocanus



**Phylogeography of the gray red-backed vole *Craseomys rufocanus* (Rodentia: Cricetidae) across the distribution range inferred from nonrecombining molecular markers**

Abramson N.I., Petrova T.V., Dokuchaev N.E., Obolenskaya E.V., Lissovsky A.A.  
 2012. Russian J. of Theriology P. 137-156



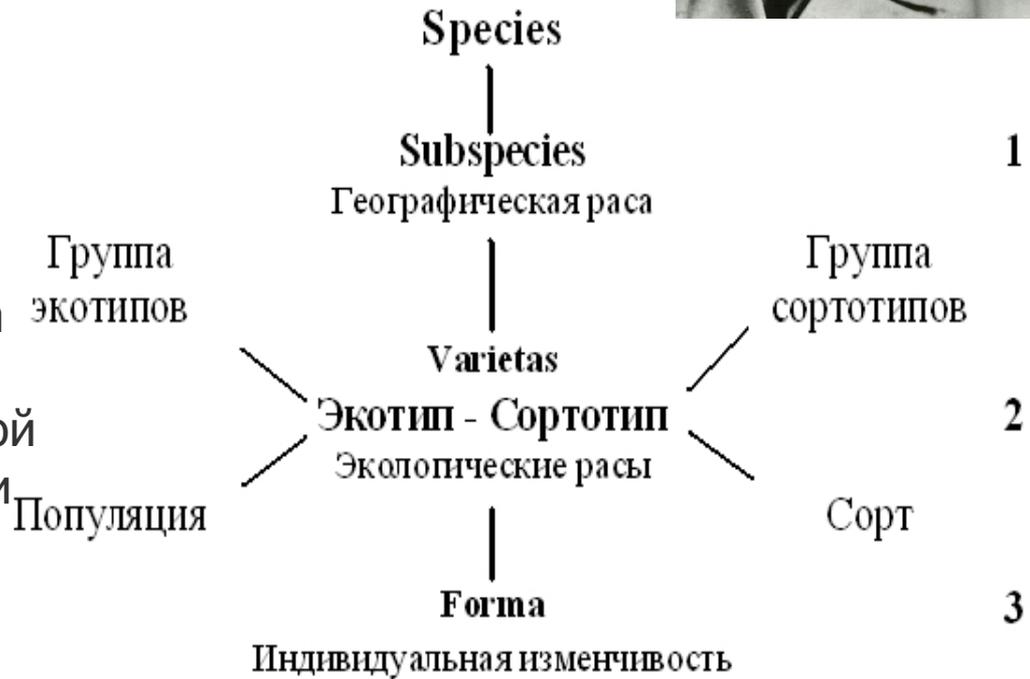
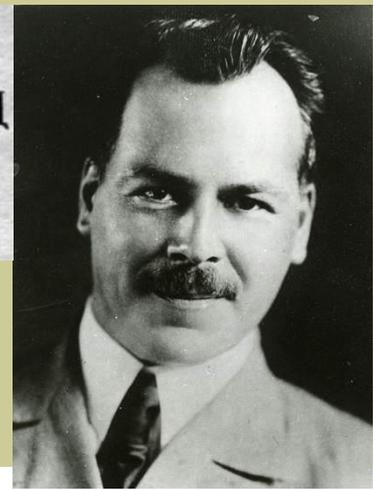
*rufocanus* Sundeval/  
*irkutensis* Ognev  
*wosnessenskii* Poljakov  
*smithi* Thomas

огромный фактический материал привел нас к концепции линнеевского вида как сложной системы форм...»

Многие линнеевские виды представляют собой сложную систему экотипов (Turesson) или климатипов. Экотип — это группа биотипов в пределах одного линнеевского вида, объединяемая рядом наследственных константных признаков и приспособленная к определенным условиям местообитания.

Отдельные виды ныне находятся на разных стадиях своего развития и сообразно этому представляют собой комплексы весьма разного объема и содержания. При расселении они выделяют эколого-географические комплексы, нередко весьма резко выраженные, могущие быть объединяемыми в подвиды, географические расы и т. д.

## ЛИННЕЕВСКИЙ ВИД КАК СИСТЕМА



- ❖ Большинство описанных подвигов не подтверждаются на генетическом уровне
- ❖ При выделении генеалогической компоненты теряется географическая
- ❖ Криптический «подвид»-оксюморон
- ❖ Концепция и метод выделения внутривидовых форм нуждаются в серьезной ревизии