

ГИПОТЕЗА ИНТЕЛЛЕКТОГЕНЕЗА КАК АЛЬТЕРНАТИВА СЛУЧАЙНОСТНОМУ ЭВОЛЮЦИОННОМУ ПРОЦЕССУ – ТИХОГЕНЕЗУ (С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ МЕТОДА АНАЛОГИЙ)

В.С. Чупов

Ботанический институт им. В.Л. Комарова РАН, Санкт-Петербург

Эл. почта: nika-egida@mail.ru

Статья поступила в редакцию 28.04.2016; принята к печати 23.05.2016

На основе современного систематического анализа формулируется концепция криптаффинного перехода в филогении цветковых растений, рассматриваются представления о структурированности филогенетических ветвей, анизотомии филогенетического процесса, существовании скрытых (вложенных в предыдущие периоды) фаз эволюционного развития, существовании специфических скрыто-родственных (криптаффинных) таксонов и фаз перестроек генома. Эволюция предстает не в виде постепенной дивергенции филогенетических ветвей, а в виде сложной совокупности процессов, обеспечивающих относительный эволюционный стагиз в длительные промежутки времени и сальтационное развитие в короткие межстагизные моменты. Предполагается, что механизм, обеспечивающим эволюционные преобразования у растений, являются внутриклеточные структуры, обозначаемые автором как внутриклеточный интеллект.

Ключевые слова: эволюция, сальтации, криптаффинные таксоны, длинная структурированная филогенетическая ветвь (ДСФВ), внутриклеточный интеллект.

THE HYPOTHESIS OF “INTELLECTOGENESIS” BASED ON ANALOGIES AS AN ALTERNATIVE TO THE PROBABILISTIC EVOLUTIONARY PROCESS (TYCHOGENESIS)

V.S. Chupov

V.L. Komarov Botanical Institute of the Russian Academy of Sciences, Saint Petersburg, Russia

E-mail: nika-egida@mail.ru

Based on an up-to-date systematic analysis, the concept of “cryptaffine” transitions occurring in the phylogeny of flowering plants is formulated, and the structuredness of phylogenetic branches, the unisotomy of phylogenesis, and the existence of cryptic (i.e. nested in preceding periods) phases of development and specific cryptically related (cryptaffine) taxons and genomic rearrangements are considered. From this standpoint, evolution appears to be not a gradual divergence of phylogenetic branches, but rather a complex of processes providing for relatively long evolutionary stasis periods intermitted with shorter periods of saltational speciation. It is hypothesized that the mechanism behind such evolutionary transitions in plants is based on intracellular structures responsible for what is termed by the author as intracellular intelligence.

Keywords: evolution, saltational speciation, cryptaffine taxon, long structured phylogenetic branch, intracellular intelligence.

Памяти проф. В.Я. Александрова,
обосновавшего новую науку цитозтологию.

В настоящей работе мы попытаемся предложить в развитие материалистической эволюционной теории альтернативу градуальному селекционизму, не связанную с какими-либо направлениями эзотерического или креационистического толка. Можно сказать, что она на новом материале обсуждает возможности организмоцентрического эволюционного процесса. Отметим, что описание рассматриваемых концепций криптаффинных таксонов, криптаффинных переходов, длинных структурированных филогенетических ветвей изложены здесь кратко. Более подробное и обоснованное их изложение можно найти в работах, опубликованных ранее, – [21, 26, 30] и др.

Скрыто-родственные (криптаффинные) таксоны

Впервые мы столкнулись с рассматриваемыми явлениями при серологическом исследовании белков семян представителей семейства Liliaceae [17]. В этих исследованиях оказалось, что по данным серологии большинство таксонов разместились в тех группах, в которые систематики помещали их и ранее на основе «морфологических», в широком смысле, данных. Но некоторые роды оказались более близки к морфологически не сходным с ними таксонам, представителям других семейств. Так роды *Clintonia*, *Medeola* (Melanthiaceae) серологически оказались близки

к сем. *Liliaceae*, *Convallaria majalis* (*Convallariaceae*) оказался ближайшим родственником сем. *Ruscaceae*, роды *Hemerocallis* и *Simethis* (*Asphodelaceae*) серологически оказались близки сем. *Phormiaceae*, род *Hosta* (*Funkiaceae*) оказался ближайшим родственником сем. *Agavaceae* и т. д. Столь необычные сближения получили в дальнейшем подтверждение по материалам секвенирования различных участков ДНК (см. [29]). Эти таксоны, морфологически близкие к одной группе, а по молекулярным данным к другой, были названы нами скрыто-родственными (криптаффинными). Более детальные исследования показали, что в ряде случаев (но не всегда) криптаффинные таксоны имеют отдельные, но весьма специфические морфологические признаки, указывающие на те же связи, на которые указывают серологические и другие молекулярные данные. Это наблюдение хорошо согласуется с явлением филогенетического предвращения Павлова-Берга (см. ниже) и не находится в противоречии с представлениями о преадаптации, которые с трудом воспринимаются классической эволюционной теорией.

По комплексу морфологических признаков те таксоны, с которыми сближались криптаффинные таксоны на основании молекулярных данных, более эволюционно продвинуты, чем последние и их «морфологические» родственники. То есть вся связь: морфологические родственники криптаффинных таксонов, сами криптаффинные таксоны и их «молекулярные» родственники – представляет собой группу предков, промежуточную группу и группу потомков соответственно. Более подробно концепция криптаффинных таксонов рассмотрена в работах [19, 26, 27, 30]. Важно отметить, что таким образом разрешается парадокс отсутствия видимых корней многих филогенетических ветвей, отмечаемый палеонтологами. Теперь становится ясно, что проблема корней филогенетических ветвей, хотя бы частично, может быть решена с помощью представлений о скрыто-родственной связи, которые могут быть установлены молекулярными методами исследования [18].

Как оказалось, криптаффинные таксоны обладают рядом специфических признаков как генотипа, так и фенотипа. Во-первых, они, как правило, моно- или олиготипны. Им присущ довольно высокий таксономический ранг. В последних вариантах систем, основанных на морфологии [14, 34], таксоны, выделяемые нами как криптаффинные, часто представлены как моно- или олиготипные семейства. Криптаффинным таксонам свойственно большое основное число хромосом (12, 13 и больше) и большое плоидное число (40–60). Рибосомная ДНК криптаффинных таксонов характеризуется высоким содержанием остатков гуанина и цитозина (высоким содержанием пар GC). В некоторых случаях в криптаффинных таксонах можно отметить явление филогенетического предвращения Павлова-Берга [4], заключающееся в том, что в их фенотипе проявляются отдельные морфологические признаки, присущие комплексу признаков таксонов потомков.

Криптаффинные переходы

Филогенетическая связь между семействами посредством криптаффинных таксонов была обозначена как криптаффинный переход [21].

Если сначала криптаффинные переходы нами были обнаружены между семействами цветковых растений, то позднее они были найдены и между таксонами более высокого ранга. Основываясь на таксономической системе APG 3 для покрытосеменных [29], мы проследили переход между подклассами *Liliidae* и *Alismatidae*. Он оказался осуществлен через олиготипное сем. *Tofieldiaceae* [22]. Переход между *Hammamelidae* и *Ranunculidae* – через олиготипное же (один род, два вида) семейство *Eupteliaceae* (неопубликованные наблюдения).

Иногда криптаффинные переходы можно наблюдать и на межродовом уровне. Таким является переход между родами *Mahonia* и *Berberis* (сем. *Berberidaceae*) [24]. Криптаффинным таксоном в этом случае является секция *Horridae* рода *Mahonia*. По данным молекулярного анализа, 9 видов этой небольшой секции из группы *Occidentales* рода *Mahonia* оказываются ближе к видам р. *Berberis*, чем к своим «морфологическим» родственникам из группы *Occidentales*. От последней они отделены видами группы *Orientalis* [40, 41].

Таким образом, на филогенетической ветви оказалось возможным выделить две группы таксонов: 1) таксоны, единые по своим морфологическим и молекулярным признакам, и 2) таксоны, тяготеющие по морфологическим признакам к группе предков, а по молекулярным данным – к группе потомков. Первые были обозначены как филогенетические таксоны PLATO (от латинского «плоский», «широкий»), вторые – как филогенетические таксоны VIA (от латинского «путь») [25]. Эти названия должны были подчеркнуть роль и место этих таксонов в эволюционном процессе. Таксоны PLATO – это крупные семейства современных родов и видов, сохраняющие свое внутрисемейственное морфологическое и молекулярное единство. Таксоны VIA – моно- или олиготипные роды или семейства, связывающие между собой PLATO-предков и PLATO-потомков (рис. 1).

Инновационная реинтеграция генома

Важным элементом участка VIA является момент инновационной реинтеграции генома. Связан он с двумя возвратно-поступательными процессами в геноме растений. В ряде исследованных случаев можно наблюдать изменение основного числа хромосом от первично небольшого $x = 6-8$ в таксонах PLATO-предков к весьма большому $x = 18-30$ в криптаффинных таксонах и новое уменьшение x до 5–8 и меньше у PLATO-потомков [21]. Параллельно изменяется и содержание GC в спейсерах ядерной рибосомной ДНК (ярДНК) – от низкого, порядка 45–60% у PLATO-предков, к высокому, до 70–75 в криптаффинных таксонах – и последующее снижение до более низких значений у PLATO-потомков [26, 27]. При переходе к более низким показателям после пика в области криптаффинных таксонов происходит достаточно быстрое преобразование фенотипа. Первые таксоны PLATO-потомков имеют уже в основном сформированный фенотип своей группы. Поскольку изменение основного числа хромосом, изменение содержания GC в ярДНК и изменение фенотипа происходят в достаточной степени синхронно, мы определяем этот момент как инновационную реинтеграцию генома (см. рис. 1).

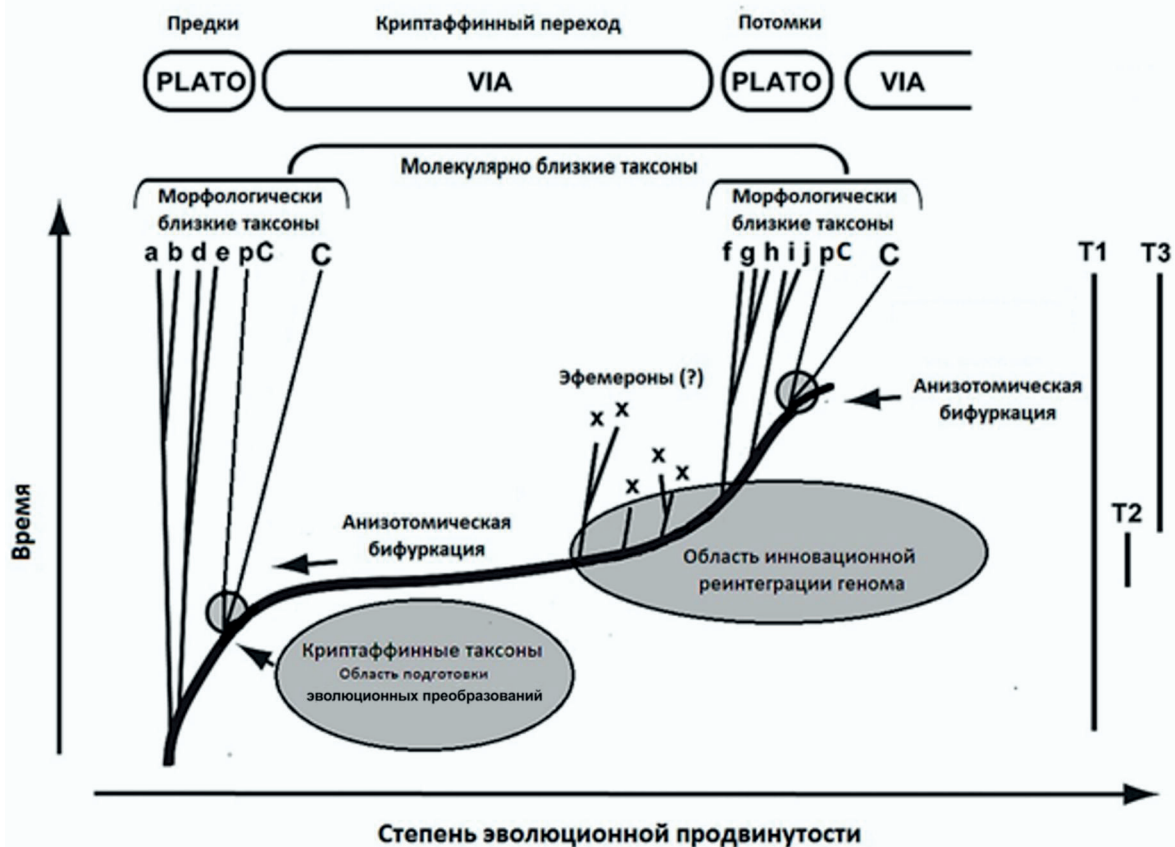


Рис. 1. Схема соотношений между таксонами, входящими в криптаффинные переходы: a, b, d, e – современные таксоны PLATO предков; f, g, h, i, j – современные таксоны PLATO потомков; C – криптаффинные таксоны; pC – предкриптаффинные таксоны; T1 – время существования таксонов PLATO предков; T2 – время эволюционных преобразований; T3 – время существования таксонов PLATO потомков (по [26], с изменениями)

Вложенные фазы в процессах развития

При рассмотрении концепции криптаффинного перехода следует обратить внимание на явление, обозначенное нами как *вложенная фаза* в процессе развития. Состоит оно в том, что первые этапы эволюционных преобразований проходят как бы под прикрытием предковой формы фенотипа, в пределах предшествующего таксона, описанного выше как криптаффинный. Как мы видели, в пределах криптаффинных таксонов значительно изменяется нуклеотидный и динуклеотидный состав некоторых участков ДНК, значительно увеличивается основное число хромосом, проявляются элементы филогенетического предварения. При этом основные фенотипические признаки таксона: морфология, физиология, экологические предпочтения – остаются неизменными.

Вложенные фазы развития очень распространены в *онтогенезе* биологических объектов. Обеспечение первых этапов развития зиготы осуществляется на дозиготических фазах усилиями родительского организма. Гетероспория, запасные вещества зародыша, семенное возобновление растений, внутреннее оплодотворение и внутриутробное развитие у животных – все это примеры вложенных фаз в процессах онтогенетического развития. Вложенные фазы явно просматриваются в развитии социальных, экономических, технических систем и, вероятно, являются

элементами общесистемного характера. Начальные этапы криптаффинного перехода, в общесистемном плане, вероятно, являются аналогичным явлением в филогенезе. Таким образом «непрерывность» филогенеза в концепции криптаффинного перехода обеспечивается не постепенностью расхождением филогенетических ветвей, а существованием вложенных фаз филогенетического развития. Отсюда следует, что эволюционные скачки являются резкими только на уровне фенотипа. На уровне генотипа развитие более преемственно. Можно сказать, что с помощью вложенных фаз развития природа избегает запрета на сальтацию и преодолевает философский тезис: *natura non facit saltus*.

Длинная структурированная филогенетическая ветвь

Рассматривая последовательно располагающиеся в филеме таксоны PLATO-предков, VIA и PLATO-потомков, имеющих собственный филогенетический статус и характер изменения генотипа и фенотипа, мы можем определить такую филему как структурированную филогенетическую ветвь, а поскольку мы имеем дело с крупными таксонами, можем дополнить определение и описать ее как длинную структурированную филогенетическую ветвь (ДСФВ). Один таксон в этой ветви преобразуется в другой, не диверги-

руя постепенно и незаметно, а через определенный промежуточный отрезок филемы VIA, маркируемый криптаффинными таксонами. Не исключено, что между криптаффинными таксонами и первыми таксонами PLATO-потомков могли существовать некоторые переходные, быстро исчезающие формы. Предварительно мы обозначаем их как эфемероны.

Возможно, отдельные описанные здесь участки ДСФВ можно соотнести с менее детализированным описанием эволюционного процесса у Дж. Симпсона [13], выделявшего брадителические, горотелические и тахителические скорости эволюции. Возможно, что первые две скорости характерны для таксонов PLATO разных эволюционных уровней, а тахителические – для таксонов участков VIA: криптаффинным и эфемеронам. В целом предлагаемая концепция нам кажется сходной с представлениями теории прерывистого равновесия, разработанной на палеонтологическом материале [35, 38, 39]. Но работа с рецентным материалом с использованием молекулярных методов позволяет изменить и дополнить представления о механизмах прерывистого равновесия на уровне макроэволюционных событий у растений.

Таксоны отдельных участков филемы характеризуются специфическими признаками эволюционного состояния. Эти признаки связаны с работой определяющих эволюционный процесс механизмов. Среди них можно отметить молекулярные (нуклеотидный состав отдельных участков генома), кариологические (закономерное изменение основного числа хромосом), морфологические (набор и распределение апоморфий, случаи филогенетического предварения), таксоно-статистические (разная численная представленность таксонов в разных участках филемы). На рис. 1 представлено графическое отображение фрагмента ДСФВ, содержащей два последовательных участка PLATO и связывающий их участок VIA.

Таким образом на основании исследований по систематике и филогении крупных таксонов цветковых покрытосеменных растений приходится заключить, что эволюционный процесс в этой группе живых организмов достаточно сложен. Его приходится рассматривать как совокупное явление перемежающихся состояний *относительного эволюционного стазиса* (дифференциация родов и видов в таксонах PLATO) и *быстрых эволюционных скачков* (образование семейств и порядков в таксонах VIA). Скачки предстают не как простое ускорение обычно протекающих эволюционных процессов, но как смена типов как мутационных замен в ДНК, так и кариологических преобразований. Общий характер протекания процессов в ДСФВ идет по типу *возвратно-поступательных процессов* с попеременным возрастанием и спадом показателей. Особое значение имеет могущее быть сформированным представление о *вложенных фазах* в процессах филогенетического развития. Эти фазы предстают как некоторые подготовительные преобразования (увеличение содержания G+C в рДНК, увеличение основного числа хромосом, явление филогенетического предварения) в геноме криптаффинных таксонов. Наличие вложенных фаз развития особенно убедительно говорит о существовании достаточно сложных внутриорганизменных, внутриклеточных процессов, предшествующих преобразованию фенотипа и обеспечивающих в дальнейшем его эволюционные преобразования. Рас-

сматриваемый тип эволюционного процесса трудно соотнести с традиционными представлениями градуального селекционизма. Но если не случайные мутации и естественный отбор, то какую замену им может предложить современная наука? Здесь было бы интересно послушать специалистов по ТРИЗ – теории решения изобретательских задач. Но и без их помощи можно предложить несколько выходов из создавшегося положения. Остановимся на одном из них.

Гипотеза интеллектогенеза

Методологическое замечание

Наш дальнейший анализ будет связан с системно-фрактальным подходом к изучаемому объекту и использованием метода аналогий. На этом основании мы будем рассматривать биосферу как сложную систему фрактальных уровней, на каждом из которых идут процессы, в чем-то аналогичные или гомологичные процессам, идущим на других уровнях, в других фракталах. При этом материальная основа протекания этих процессов не обязательно одинакова. Подобная методология не может представить доказательств какому-либо утверждению, но может составить основание для построения рабочих гипотез, требующих в дальнейшем детализации, разработки и проверки [16].

Многие исследователи указывают, что в клетке должны существовать всеобъемлющие регуляторные механизмы. Разные авторы называют их по-разному: молекулярно-генетическими системами управления [12], молекулярно-вычислительными машинами клетки или внутриклеточным компьютером [8], системами естественной генной инженерии [43], многоуровневыми регуляторными генными сетями [7].

Последние авторы прямо говорят о том, что «прогрессивная эволюция – это эволюция регуляторных генетических систем организмов». Мы предпочитаем обозначить предполагаемые регуляторные системы клетки, могущие участвовать в процессах эволюционных преобразований, как внутриклеточный интеллект (ВКИ) [19, 23]. Причина этого простая: человек обладает церебральным интеллектом, в этом сомневаться не приходится. Известно, что если не все, то большинство функций многоклеточного организма выражены и у организмов одноклеточных. У них могут существовать либо специализированные органеллы, либо более мелкие элементы клеточной оболочки или цитоплазмы, специализированные для выполнения тех же функций, для которых у многоклеточных служат отдельные органы. Интересно, что Л.С. Берг в специальном прибавлении к своему труду обращает внимание на подобие предположительных нервных аппаратов, обнаруживаемых у инфузорий, нервной системе многоклеточных организмов [4: 296].

Чрезвычайно интересны и важны в этом отношении взгляды известного физиолога растений В.Я. Александрова. В ряде своих работ он специально обращает внимание на сложные поведенческие реакции одноклеточных и клеток многоклеточных существ. Среди них он отмечает автономное поведение лимфоцитов в теле многоклеточных животных, самостоятельное существование микс-амеб у миксомицетов, при необходимости собирающихся вместе и

образующих плодовое тело, сложные передвижения целых групп клеток в эмбриогенезе многоклеточных животных. Описывается им сложная работа фороцитов, которые не только с определенными целями передвигаются в тканях некоторых беспозвоночных, но и производят определенные действия по переносу сперматозоидов полового партнера или стрекательных клеток к месту их назначения – к яйцеклетке или к наружной поверхности тела соответственно.

Все это дало В.Я. Александрову основание ввести понятие *цитозологии* – науки о поведении клеток [1, 2].

Очень интересную гипотезу биологической эволюции на основе не случайной изменчивости, регулируемой организмом, предлагает А.М. Оловников [10]. Но его подход разработан для многоклеточных организмов, обладающих нервной системой. Эволюционный же процесс идет и у одноклеточных организмов, и у растений, не имеющих нервной системы. Так, что предполагаемый «гомункулус Пенфилда» – собрание участков нервной ткани в головном мозгу, непосредственно связанных с той или иной частью тела, – центральный элемент гипотезы А.М. Оловникова, у многих эволюционирующих организмов отсутствует. Мы полагаем, что искать некоторое подобие гомункула Пенфилда следует в ядре клетки. Видимо, его элементами могут явиться *hox*-гены животных и *MADS*-гены растений.

Интересно, что о «разумном» поведении начинают говорить даже исследователи прокариотических организмов [9, 31–33]. При этом ставится очень важный для теории эволюции вопрос о возможности, в свете теоремы Гёделя о неполноте, самосовершенствования генома. То есть может ли существующий геном сам усовершенствовать себя так, чтобы перейти на следующий эволюционный уровень развития. Выход авторы видят в направленном адаптивном мутагенезе и сетевой кооперации микроорганизмов, когда удачная мутация путем горизонтального переноса может быть распространена в популяции, где встретится с другими полезными для организма новшествами.

Вообще сетевая кооперация – в настоящее время интенсивно разрабатываемая область знания, достижения которой могут быть привлечены и для выяснения вопросов эволюционного преобразования геномов [9, 42]. Вероятно, сетевую кооперацию можно будет рассматривать как один из механизмов эндогенного эволюционного процесса. Однако наши исследования говорят о возможности существования и более сложных внутриклеточных механизмов эволюционных преобразований генома. Во-первых, это связано с представлениями о разделении генома на функционирующие и преобразуемые участки. Последние возникают специально в эволюционирующих организмах и отсутствуют в стабильных. И, во-вторых, можно предполагать, что преобразованием генома могут заниматься внегеномные механизмы. На роль подобных механизмов, могущих иметь определенный интеллектуальный потенциал, выдвигаются, например, элементы цитоскелета [11, 36, 37].

В настоящей работе мы не будем далее анализировать возможные механизмы преобразования генома, но остановимся на возможном разделении геномов эволюционно-активных организмов на функционирующий и преобразуемый участки.

Чтобы начать говорить об интеллектогенезе как об активном факторе эволюционного процесса, необходимо определиться с тем, что мы понимаем под «интеллектом». Имеется огромное количество определений этого понятия. Но нас интересует понятие интеллекта в связи с процессами развития. Исходя из работ А.А. Богданова [6], А.Л. Тахтаджяна [15], мы определяем развитие как процесс построения-освоения пространства возможных функциональных комбинаций составляющих, или, короче, построения-освоения пространства возможностей [20]. Основное свойство развитого интеллекта – это *оперирование образами предметов*. Образы предметов несут в себе информацию о самих предметах. Следовательно, интеллект является механизмом *обработки информации, заложенной в образах* предметов. Но обычно в работе интеллекта, в отличие от, будем говорить, *прединтеллекта*, имеется аксиологическая, целевая составляющая. Интеллект создает не только функциональные связи между информационными составляющими, что соответствовало бы процессу развития в информационной системе мира вообще, но и отбирает среди них те, которые способствуют достижению определенных целей. Таким образом интеллект можно определить как механизм установления функциональных связей между информационными единицами с целью достижения *определенных* результатов. Однако, чтобы достигать *определенных* результатов, вероятно, необходимо предполагать наличие определенной степени сознания. В существующей синтетической теории эволюции действия сознания не требуется. Результат – выживание, достигается автоматически действием отбора. Вероятно, отбор может действовать и при работе ВКИ. Но отбор этот может действовать не на существующих организмах, а на внутриклеточных моделях будущих эволюционных производных, о которых мы скажем ниже.

Наш церебральный интеллект оперирует идеями, *образами* предметов. Информационными единицами для работы ВКИ могут служить информационные макромолекулы, участки которых являются *образами* белков, структурных и функциональных РНК, а также и «образами» поведенческих реакций (особенно у общественных насекомых). Можно также думать, что часть наследственной информации имеет характер «адресов», распределенных по клеточным мембранам, цитоскелету и в служебных участках макромолекул. Все эти объекты могут служить материалом для работы ВКИ. Можно полагать, что первоначально ВКИ был ориентирован на координирование работы внутриклеточных биохимических машин, но в дальнейшем должен был заняться межклеточными взаимодействиями и взаимодействием с внешней средой. Естественно, что при этом возникает вопрос о рецепции свойств внешней среды.

Конечно, у одноклеточных организмов и клеток многоклеточных животных нет таких органов, как глаза и уши. Но тем не менее они обладают такими органами анализа внешней и внутренней среды, как хеморецепция, фоторецепция, рецепция типа тактильной, анализирующей подстилающую поверхность, терморецепцией и т. д.

Поскольку мы говорим об интеллекте, видимо, бесполезно будет обратиться к такой области знания, биологического в своей основе, как психология. В рассматриваемом плане нам кажутся интересными

представления П.К. Анохина. В своей теории функциональных систем он отмечает, что интеллект в процессе своей перспективной деятельности строит модель результата предполагаемого действия – акцептор результата действия и затем сравнивает результаты произведенного действия с этой моделью с целью корректировки своего поведения [3].

Далее обратимся к интеллектуальной деятельности человека на производстве в плане подхода общей теории систем (ОТС). Представим себе автомобилестроительную компанию. В рабочих цехах идет выпуск текущей модели. Эта работа обеспечивает существование производства. Но если работа фирмы будет ограничена только текущим производством, то она не получит возможности развития. Поэтому наряду с производственными цехами существует опытное производство с концептами будущих машин и конструкторское бюро с чертежами, справочниками и опытными сотрудниками.

Теперь можно провести аналогии между эволюционным процессом, интеллектуальной деятельностью и промышленным производством. Видимо, криптоафинный таксон можно сопоставить с производством, готовящим новую продукцию. Время подготовки нового концепта – это вложенная фаза развития, когда под финансовым прикрытием выпуска модели старого «фенотипа» в *выстроенных цехах* опытного производства (геноме криптоафинных таксонов) создается концепт новой модели (генома первых таксонов PLATO-потомков). Выстроенные новые опытные цеха нетрудно сопоставить с новым «генетическим пространством», возникающим в криптоафинных таксонах за счет увеличения как основного, так и диплоидного числа хромосом. Генетическое пространство может увеличиваться и другими механизмами: амплификацией участков ДНК, внедрением мобильных элементов, неравным кроссинговером и т. д. Новая модель, проектируемая в конструкторском бюро, это акцептор будущего действия по Анохину. Поэтому можно предполагать существование аналогичного акцептора – модели будущего таксона на свободных генетических площадях криптоафинных таксонов. (То, что не кодирующая ДНК, в избытке присутствующая в геноме эукариот, может быть использована для формирования новых генов или относящихся к ним регуляторных элементов, является общим положением современных подходов молекулярной биологии к теории эволюции.)

Все эти вопросы составляют весьма интересное исследовательское поле для молекулярной биологии. И в первую очередь можно попробовать определиться с уже известными механизмами преобразования генома, которые могли бы участвовать в подобного рода эволюционном процессе. Видимо, среди них должны существовать механизмы увеличения «генетического пространства», механизмы перезаписи и редактирования генетических текстов, механизмы перестановки или перетасовки блоков генома, механизмы удаления излишнего или отработанного генетического материала, а также механизмы сравнения результатов построения модели-акцептора требованиям жизнеспособности. Большинство из подобных механизмов известны. Остается найти системообразующие связи. Возможно, искать их нужно в нуклео- или цитоплазме.

Еще одной интересной проблемой, связанной с предполагаемым существованием ВКИ, является вопрос о взаимодействии его с церебральным интеллектом у высших животных и человека. Кажется весьма вероятным, что наш церебральный интеллект определенной своей частью базируется и на древних внутриклеточных структурах. Не подобные ли связи порождают представления о реинкарнациях или воспоминания об опыте, приобретенном в предшествующих поколениях (прошлых жизнях)?

Небезынтересно заметить также, что, предполагая наличие ВКИ, можно вплотную подойти к материалистическому пониманию бергсоновской творческой эволюции [5].

Заключение

Внедрение в систематические исследования молекулярных методов значительно расширило возможности систематики в изучении эволюции. На основе современного систематического анализа была сформулирована «концепция криптоафинного перехода» в филогении цветковых растений, выдвинуто предположение о структурированности филогенетических ветвей, анизотомии филогенетического процесса, существовании скрытых (вложенных в предыдущие периоды) фаз эволюционного развития, существовании специфических скрыто-родственных (криптоафинных) таксонов и фаз перестроек генома, обнаружено, что эволюционные сальтации являются не просто ускорением стандартного эволюционного процесса, но специальным его типом, сопровождающимся измененным характером мутационных замен, изменением основного числа хромосом и инновационной реструктуризацией геномов. Все это заставляет думать, что эволюционный процесс обеспечивается механизмами гораздо более сложными, чем случайный мутагенез и отбор.

Многие авторы указывают, что в клетке должны существовать всеобъемлющие регуляторные механизмы. Разные авторы называют их по-разному: молекулярно-генетическими системами управления, молекулярно-вычислительными машинами клетки или внутриклеточным компьютером, многоуровневыми регуляторными генными сетями или системами естественной генной инженерии. Мы, вслед за В.Я. Александровым, предпочитаем обозначать предполагаемые регуляторные системы клетки, могущие участвовать в процессах эволюции, как более сложную структуру – внутриклеточный интеллект (ВКИ). Основываемся мы при этом на следующих положениях: 1) человек обладает церебральным интеллектом; 2) известно, что если не все, то большинство функций многоклеточного организма выражены и у одноклеточных, и для выполнения тех же функций у них могут существовать специализированные органеллы или более мелкие специализированные компартменты; 3) интеллект можно определить как механизм установления функциональных связей между информационными единицами; 4) наш церебральный интеллект оперирует идеями, *образами* предметов; 5) информационными единицами в клетке могут служить информационные макромолекулы, участки которых являются *образами* белков, структурных РНК, а также и «образами» наследуемых поведенческих реакций; можно также думать, что часть наследственной информации имеет характер «адре-

сов», распределенных по клеточным мембранам, цитоскелету и в служебных участках макромолекул; б) все эти объекты могут служить материалом для работы ВКИ; 7) представления о сложных поведенческих реакциях одноклеточных организмов и отдельных типов клеток многоклеточных организмов, введение В.Я. Александровым представления о цитоэтологии являются дополнительным подтверждением возможности существования внутриклеточного интеллекта, а сложный характер эволюционных преобразований, вскрывающийся на современном уровне развития систематики растений, позволяет строить более сложные, чем «мутации и отбор», гипотезы с его участием в эволюционных процессах.

Можно полагать, что первоначально ВКИ был ориентирован на координирование работы внутриклеточных биохимических машин, но в дальнейшем должен был заняться межклеточными взаимодействиями и взаимодействием с внешней средой.

В результате мог сформироваться эндогенный эволюционный механизм, работу которого можно предположить проявляющейся в рассматриваемой концепции ДСФВ. Естественно, что при этом возникает вопрос о рецепции свойств внешней среды. Все эти вопросы составляют весьма интересное исследовательское поле для молекулярной биологии и функциональной цитологии.

Благодарности

Автор благодарен А.В. Родионову за поддержку в работе; Е.М. Мачсу, инициировавшему ряд направленных работ, и анонимному рецензенту журнала, преджившему несколько расширить тематику работы.

Работа выполнена в рамках государственного задания, регистрационный номер 01201255614, при частичном финансировании из средств грантов РФФИ № 15-04-06438 и программы «Динамика генофондов».

Литература¹

Список русскоязычной литературы

1. Александров В.Я. Проблема поведения на клеточном уровне. *Успехи современной биологии*. 1970;69:220-48.

2. Александров В.Я. Поведение клеток и внутриклеточных структур (Цитоэтология). М.: Знание; 1975.

3. Анохин П.К. Принципиальные вопросы общей теории функциональных систем. Принципы системной организации функций. М.: Наука; 1973. с. 5-61.

4. Берг Л.С. Номогенез, или эволюция на основе закономерностей. Петроград: ГИЗ; 1922.

5. Бергсон А. Творческая эволюция. Пер. с фр. В.А. Флеровой. М.: КАНОН-пресс; 1998.

6. Богданов А.А. Тектология. Всеобщая организационная наука. М.: Экономика; 1989.

7. Колчанов Н.А., Суслов В.В., Гунбин К.В. Моделирование биологической эволюции: регуляторные генетические системы и кодирование сложности биологической организации. *Информационный вестник ВОГиС*. 2004;(30):86-99.

8. Либерман Е.А. Молекулярная вычислительная машина клетки (МВМ). Общие соображения и гипотезы. *Биофизика*. 1972;17:932-43.

9. Олескин А.В. Сетевые структуры, социальная организация микроорганизмов и взаимоотношения микробиота-хозяин. <http://spkurdyumov.ru/networks/cetevye-struktury-socialnaya-organizaciya-mikroorganizmov-i-vzaimootnosheniya-mikrobiota-hozyain/>

10. Оловников А.М. Биологическая эволюция на основе не случайной изменчивости, регулируемой организмом. *Биохимия*. 2009;74:1722-8.

11. Пенроуз Р. Тени разума: в поисках науки о сознании. Москва-Ижевск: Институт компьютерных исследований; 2005.

12. Ратнер В.А. Внешние и внутренние факторы и ограничения молекулярной эволюции. В кн. Татаринов Л.П. (Ред.). *Современные проблемы теории эволюции*. М.: Наука; 1993.

13. Симпсон Дж.Г. Темпы и формы эволюции. М.: Иностранная литература; 1948.

14. Тахтаджян А.Л. Система магнолиофитов. Л.: Наука; 1987.

15. Тахтаджян А.Л. *Principia tectologica*. Принципы организации и трансформации сложных систем: эволюционный подход. 2-е изд., перераб. и доп. СПб.: Издательство СПФХА; 2001.

16. Уемов А.И. Аналогия в практике научного исследования. М.: Наука; 1970.

17. Чупов В.С. Система и филогения порядков Liliales и Asparagales. *Ботанический журнал*. 1994;79:1451-61.

18. Чупов В.С. Форма боковой филогенетической ветви у растений по данным неонтологотаксономической летописи эволюции. *Успехи современной биологии* 2002;122:227-38.

19. Чупов В.С. Несколько замечаний по теории эволюции. *Вопросы естественно-научного обществознания*. СПб.: Астерион; 2007. с. 261-73.

20. Чупов В.С. Две модели процесса развития. *Вопросы естественно-научного обществознания*. СПб.: Астерион; 2007. с. 18-43.

21. Чупов В.С. Динамика чисел хромосом вдоль длинной структурированной филогенетической ветви у однодольных покрытосеменных растений: общая схема эволюции кариотипа. *Успехи современной биологии* 2013;133:227-53.

22. Чупов В.С. Происхождение подклассов Alismatidae и Liliidae (Monocotyledones, An-

¹ Большинство работ автора можно найти на портале: https://www.researchgate.net/profile/Vladimir_Chupov и на сайте: <https://sites.google.com/site/biosocium>

giospermae) с точки зрения концепции криптаффинного перехода. В кн.: XXVIII Любичевские чтения. Современные проблемы эволюции и экологии. Сборник материалов международной конференции (Ульяновск, 7–9 апреля 2014 г.). Ульяновск: УлГПУ; 2014. с. 162-8.

23. Чупов ВС. Поле логических возможностей построения эволюционной теории (на основании креативного агента). В кн.: XXIX Любичевские чтения. Современные проблемы эволюции и экологии. Сборник материалов международной конференции (Ульяновск, 6–8 апреля 2015 г.). Ульяновск: УлГПУ; 2015. с. 156-64.

24. Чупов ВС. Анализ криптаффинного перехода между родами *Berberis L.* и *Mahonia Nuttall.* (Berberidaceae, Angiospermae). Успехи современной биологии. 2016;136:70-82.

25. Чупов ВС, Мачс ЭМ. Точечные мутационные замены нуклеотидов в ядерной рДНК эволюционно стабильных групп цветковых растений. Успехи современной биологии. 2010;558-75.

26. Чупов ВС, Мачс ЭМ. Криптаффинный переход в филогении покрытосеменных растений. Ботанический журнал. 2013;98:665-89.

27. Чупов ВС, Мачс ЭМ, Родионов АВ. Динуклеотидные профили элементов рДНК как показатель уровней эволюционного развития и филогенетический маркер в ветвях Melanthiales – Liliales и Melanthiales – Asparagales (Monocotyledones, Angiospermae). Общее направление изменений динуклеотидного состава. Успехи современной биологии. 2008;128:481-96.

28. Чупов ВС, Мачс ЭМ, Родионов АВ. Динуклеотидные профили элементов рДНК как показатель уровней эволюционного развития и филогенетический маркер в ветвях Melanthiales – Liliales и Melanthiales – Asparagales (Monocotyledones, Angiospermae). Особенности динуклеотидного состава криптаффинных таксонов. Успехи современной биологии. 2008;128:542-52.

Общий список литературы/Reference List

1. Aleksandrov VYa. [The problem of behavior at the cellular level]. Uspekhi Sovremennoy Biologii. 1970;69:220-48. (In Russ.)

2. Aleksandrov VYa. Povedeniye Kletok i Vnutrikletochnykh Struktur (Tsytoetologiya). [The Behavior of cells and intracellular structures (Cytology)]. Moscow: Znaniye; 1975. (In Russ.)

3. Anokhin PK. [Fundamental issues of the general theory of functional systems]. In: Anokhin PK. Printsipy Sistemnoy Organizatsii Funktsiy. Moscow: Nauka; 1973. p. 5-61.

4. Berg LS. Nomogenez Ili Evoliutsiya na Osnove Zakonomernostey. [Nomogenesis or Evolution Determined by Law]. Petrograd: GIS; 1922. (In Russ.)

5. Bergson H. Creative Evolution. Translated by VA Flerova. Moscow: KANON; 1998. (In Russ.)

6. Bogdanov AA. Tektologiya. Vseobshchaya Organizatsionnaya Nauka. [Tectology: Univer-

sal Organizational Science]. Moscow: Ekonomika; 1989. (In Russ.)

7. Kolchanov NA, Suslov VV, Gunbin KV. [Modelling of biological evolution: genetic regulatory systems and the coding complexity of biological organization]. Informatsyonnyi Vestnik VOGIS. 2004;(30):86-99. (In Russ.)

8. Liberman YeA. [Molecular computing cell machine (MCM). General considerations and hypothesis]. Biofizika. 1972;17:932-43. (In Russ.)

9. Oleskin AV. [Network structures, the social organization of microorganisms and the microbiota-host relationships]. <http://spkurdyumov.ru/networks/ceteveye-struktury-socialnaya-organizaciya-mikroorganizmov-i-vzaimootnosheniya-mikrobiota-xozyain/> (In Russ.)

10. Olovnikov AM. [Biological evolution based on nonrandom variability regulated by the organism]. Biokhimiya. 2009;74:1722-8. (In Russ.)

11. Penrose R. Teni Razuma: V poiskakh Nauki o Soznanii. [Shadows of the Mind: A Search for the Missing Science of Consciousness]. Moscow-Izhevsk: Institut Kompyutenykh Issledovaniy; 2005. (In Russ.)

12. Ratner VA. [External and internal factors and limitations of molecular evolution]. In: Tatarinov LP. (Ed.) Sovremennye Problemy Teorii Evoliutsii Moscow: Nauka; 1993. (In Russ.)

13. Simpson GG. Tempy i Formy Evoliutsii. [Tempo and Mode in Evolution]. Moscow: Inostrannaya Literatura; 1948. (In Russ.)

14. Takhtajan AL. Systema Magnoliifitov. Leningrad: Nauka; 1987. (In Russ.)

15. Takhtajan AL. Principia tectologica. SPb: SPFHA; 2001. (In Russ.)

16. Uyemov AI. Analogiya v Praktike Nauchnogo Issledovaniya. [Analogy in the Practice of Scientific Research]. Moscow: Nauka; 1970. (In Russ.)

17. Chupov VS. [Phylogeny and the system of orders of Liliales and Asparagales]. Botanicheskiy Zhurnal. 1994;79:1451-61. (In Russ.)

18. Chupov VS. [The shape of the lateral phylogenetic branch in plants according to data related to the neological-taxonomic record of evolution]. Uspekhi Sovremennoy Biologii. 2002;122:227-38. (In Russ.)

19. Chupov VS. [Some remarks on the theory of evolution]. In: Voprosy Yestestvenno-Nauchnogo Obshchestvoznaniya. Saint-Petersburg: Asterion; 2007. p. 261-73.

20. Chupov VS. [Two models of the development process]. Voprosy Yestestvenno-Nauchnogo Obshchestvoznaniya. Saint Petersburg: Asterion; 2007. p. 18-43.

21. Chupov VS. [Dynamics of chromosome number in the long structured phylogenetic branch of monocotyledons: a general scheme of karyotype evolution]. Uspekhi Sovremennoy Biologii. 2013;133:227-53.

22. Chupov VS. [The origin of the subclasses Alismatidae and Liliidae (Monocotyledones, Angiospermae) in terms of the concept of cryptaffine transition]. In: XXVIII Liubischevskiye Chteniya. Ulyanovsk: UIGPU; 2014. p. 62-8.

23. Chupov VS. [The field of logical possibilities for constructing of the evolutionary theory based

on a creative agent]. In: XXIX Liubischevskiy Chteniya. Ulyanovsk: UIGPU; 2015. p. 156-64.

24. Chupov VS. [Analysis of the Kriptaffinal Transition Between the Genera *Berberis* and *Mahonia* (Berberidaceae, Angiospermae)]. *Uspehi Sovremennoj Biologii*. 2016;136:70-82.

25. Chupov VS, Machs EM. [Nucleotide substitutions in rDNA of evolutionary static Angiosperm groups]. *Biology Bulletin Reviews*. 2011;1:110-24.

26. Chupov VS, Machs EM. [The cryptaffine transition in the Angiosperm phylogeny]. *Botanicheskiy Zhurnal*. 2013;98:665-89.

27. Chupov VS, Machs EM, Rodionov AV. [The dinucleotide profiles of rDNA as an indicator of the evolutionary development and a phylogenetic marker of monocotyledon plants in the branches Melanthiales – Liliales, and Melanthiales-Asparagales (Monocotyledones, Angiospermae). The general direction of changes in the dinucleotide composition]. *Uspekhi Sovremennoy Biologii*. 2008;128:481-96.

28. Chupov VS, Machs EM, Rodionov AV. [The dinucleotide profile of rDNA elements as an indicator of the evolutionary development and a phylogenetic marker of monocotyledon plants in the branches Melanthiales-Liliales and Melanthiales-Asparagales (Monocotyledones, Angiospermae). The specific features of dinucleotide composition]. *Uspekhi Sovremennoy Biologii*. 2008;128:542-52.

29. APG III. An update of the angiosperm phylogeny group classification for the orders and families of flowering plants. *Bot J Linn Soc*. 2009;161:105-21.

30. Chupov V, Machs E. Evolutionary analysis of long structured phylogenetic branches in Angiosperms. *Res Rev Biosci*. 2016;11:47-61.

31. Ben-Jacob E. Bacterial wisdom, Goedel's theorem and creative genomic webs. *Physica A*. 1998;248:57-76.

32. Ben-Jacob E, Becker I, Shapira Y, Levine H. Bacterial linguistic communication and social intelligence. *Trends Microbiol*. 2004;12:366-72.

33. Ben-Jacob E, Coffey DS, Levine H. Bacterial survival strategies suggest rethinking cancer cooperativity. *Trends Microbiol*. 2012;20:403-10.

34. Cronquist A. An Integrated System of Classification of Flowering Plants. New York: Columbia University Press; 1981.

35. Eldredge N, Gould SJ. Punctuated equilibria: an alternative to phyletic gradualism. In: T.J.M. Schopf (ed.), *Models in Paleobiology*. San Francisco: Freeman Cooper; 1972. p. 82-115.

36. Georgiev DD. Revisiting the microtubule based quantum models of mind: tubulin bound GTP cannot pump microtubule coherence or provide energy for α β computation in stable microtubules. <http://cogprints.org/3251/>

37. Hameroff S. Quantum computation in microtubules? The Penrose-Hameroff 'Orch OR' model of consciousness. *Phil Transact Roy Soc A (L)* 1998;356:1869-96.

38. Gould SJ, Eldredge N. Punctuated equilibria: the tempo and mode of evolution reconsidered. *Paleobiology*. 1977;3:115-51.

39. Gould SJ. *The Structure of Evolutionary Theory*. Cambridge (Massachusetts): The Belknap Press of Harvard University Press; 2002.

40. Kim Y-D, Kim S-H, Landrum LR. Taxonomic and phytogeographic implication from ITS phylogeny in *Berberis* (Berberidaceae). *J Plant Res*. 2004;117:175-82.

41. Kim Y-D, Kim S-H, Jansen RK. Phylogeny of Berberidaceae based on sequences of the chloroplast gene *ndhF*. *Biochem Systematics Ecol*. 2004;32:291-301.

42. Newman MEJ. *Networks: an introduction*. Oxford-New York-Auckland: Oxford University Press; 2012.

43. Shapiro JA. *Evolution: A View from the 21st Century*. FT Press Science; 2011.

