

2009 год знаменателен для биологии двумя юбилейными датами: 200 лет со дня рождения Чарльза Дарвина и 150 лет со времени выхода в свет его книги "Происхождение видов путём естественного отбора", заложившей основы теории эволюции. Со временем Дарвина эволюционная биология изменилась кардинальным образом. Теперь эволюция изучается не только на видовом, но и на геномном уровне. С достижениями эволюционной биологии XXI в. знакомит публикуемая ниже статья. Её автора беспокоит разительный контраст между достижениями современной биологии и отношением к эволюционной теории в российском обществе.

## ГЕНОМЫ И ЭВОЛЮЦИЯ

**М. С. Гельфанд**

В последние годы биология, и молекулярная биология в особенности, переживают смену парадигмы: из науки, в которой каждый факт был результатом отдельного эксперимента или наблюдения, биология становится наукой, которая работает с данными, получаемыми в индустриальных масштабах, как, например, астрофизика или физика высоких энергий (внешнее проявление этого – увеличение, иногда до нескольких десятков, числа соавторов научных статей). Эти данные включают в себя полные нуклеотидные последовательности геномов, последовательности метагеномных фрагментов ДНК, выделенных из природных сообществ (без указания на то, из какого организма они происходят), описания полиморфизмов в популяциях, индивидуальные геноны, сведения об уровнях транскрипции генов и концентрациях белков в различных тканях и условиях, о белок-белковых и белок-ДНКовых взаимодействиях, о структуре и модификациях хроматина и т.д.

Наличие и доступность больших объёмов информации позволяет биологам делать содержательные выводы, базирующиеся на сопоставлении разнородных данных, комбинировании многочисленных слабых утверждений, соединении

согласованных наблюдений или, наоборот, выявлении противоречий. Биологи только начинают привыкать к такой ситуации, и хотя приёмы работы с большими объёмами разнообразных данных (и столь же различным их качеством) находятся ещё в стадии развития, уже первые результаты позволяют по-новому подходить к решению биологических задач. Это привело к зарождению системной биологии – области, которая рассматривает клетки (или шире – ткани и организмы, или уже – функциональные подсистемы и органеллы) как целостные структуры. Тем самым преодолевается редукционистский подход, характерный для молекулярной биологии прошлого века, благодаря чему уже получено множество замечательных результатов. В качестве одного из них можно упомянуть выяснение роли микроРНК в регуляции экспрессии генов. Существенно, что в этом коллективном открытии, как и во многих других, сделанных в последние годы, ключевую роль сыграло не только совершенствование экспериментальных методов, но и компьютерный анализ получаемых данных. В рамках более традиционных задач молекулярной биологии сравнительно-геномный анализ позволяет делать конкретные, зачастую нетривиальные, предсказания о функции белков и регуляции генов, которые затем проверяются в эксперименте.

Развитие новых экспериментальных подходов и возможность анализа огромных массивов данных изменили облик эволюционной биологии. Секвенирование отдельных генов в различных организмах и построение на их основе филогенетических деревьев стало одним из эффективных методов таксономических исследований; появление сотен полностью секвенированных геномов позволяет изучать эволюцию на геномном уровне, сопоставление геномов с данными по экспрессии делает возможной реконструкцию эволюции



ГЕЛЬФАНД Михаил Сергеевич – доктор биологических наук, заместитель директора Института проблем передачи информации им. А.А. Харкевича РАН.

регуляторных систем; данные о геномных полиморфизмах подняли на совершенно новый уровень исследования в области микроэволюции и популяционной генетики. Постепенно углубляются представления о молекулярных механизмах эволюции, и многие вопросы, обсуждение которых носило до известной степени абстрактно-философский, если не сказать сколастический, характер, теперь доступны для непосредственного изучения. И хотя ясно, что мы находимся только в начале этого захватывающего пути, уже появилось множество замечательных работ, проливающих свет на проблемы, которые ещё недавно невозможно было обсуждать в содержательных терминах.

Традиционная задача молекулярной эволюции – построение филогенетических деревьев. По-видимому, первым идею рассмотрения белковых последовательностей с эволюционной точки зрения высказал Ф. Крик в 1958 г. Вскоре было показано, что степень сходства между белковыми последовательностями действительно отражает таксономические отношения, и были построены первые молекулярные филогенетические деревья. Однако существенным лимитирующим фактором в этих исследованиях часто оказывалась мозаичность исходных данных: одни гены были известны в одних организмах, другие – в других.

Ситуация изменилась, когда началось масштабное секвенирование полных геномов, а также стандартных наборов генов в ещё более обширном наборе геномов. Современные работы, в которых молекулярные методы сочетаются с традиционными, часто приводят к пересмотру существующих таксономических представлений. Применение молекулярных методов позволяет уточнить статус вида. Так недавно было предложено рассматривать как отдельные виды лесных и саванных африканских слонов.

Следует отметить, что таксономические исследования важны не только сами по себе, но и, например, при планировании заповедников. Одним из критерии для выбора охраняемой территории является разнообразие видов. Существенна также их уникальность: единственный представитель крупного таксона заслуживает относительно большого внимания. Однако не менее важна популяционная структура вида – следует стремиться к сохранению наибольшего генетического разнообразия.

С позиций эволюционной теории, одним из самых интересных подходов считается картирование морфологических признаков на филогенетические деревья. При этом оказывается, что имеющиеся интерпретации могли основываться на не совсем точных представлениях. Известный закон

Долла гласит: сложный признак не может появиться независимо в нескольких таксономических группах; в то же время вполне могут происходить множественные потери такого признака. Закон Долла имел важное значение для построения филогенетических деревьев путём сопоставления морфологических признаков.

Между тем многие, на первый взгляд, гомологичные признаки на самом деле возникли независимо. Например, было показано независимое появление способности к эхолокации у разных групп летучих мышей. В результате сопоставления морфологических и молекулярных данных была перестроена таксономия китов – установлена близость кашалота с усатыми китами. Таким образом, единственная ноздря кашалота не гомологична единственной ноздре зубатых китов (действительно, она немедленно раздваивается на два канала), а эхолокация возникла у общего предка китов и дельфинов и была вторично потеряна у усатых китов.

Независимое возникновение признаков в различных эволюционных линиях может происходить и за счёт изменений в одном и том же механизме. Скажем, меланистическая окраска у гусей *Anser caerulescens* и чаек *Stercorarius parasiticus* вызывается мутациями в одном и том же гене *MCIR*, кодирующем рецептор меланокортина-1. Результатом конвергентной эволюции стало появление желудочных лизоцимов у жвачных животных, лемуров и птицы гоацин, которая питается листьями, также переваривая их путём ферментации. В каждой из этих групп лизоцимы действуют в специальном отделе желудка, а соответствующие гены возникают при дупликации общего для позвоночных гена и дальнейших точечных замен, благодаря которым повышается устойчивость к кислой среде.

Особый интерес представляют признаки, которые неоднократно исчезают и затем вновь появляются в ходе эволюции таксона. Примером могут служить крыльшки палочников. Естествен вопрос, что позволило сохраняться способности к образованию крыльшек в период “бескрылости”? Один из возможных ответов состоит в том, что генетические механизмы, ответственные за формирование крыльшек, задействованы в каких-то ещё онтогенетических процессах, и поэтому всё равно находятся под стабилизирующим отбором.

Во многих случаях построение молекулярных филогенетических деревьев – практически единственный путь к восстановлению эволюционной истории. В первую очередь, это относится к бактериям и вирусам, причём изучение их эволюции может даже иметь прикладное значение. В эпиде-

миологии ключевую роль играет исследование эволюционной изменчивости штаммов вирусов, в частности гриппа, гепатита С и ВИЧ. Решаемые задачи при этом могут быть различны. В случае вируса гриппа важно понять динамику циркулирующих штаммов и источников новых штаммов, чтобы построить исчерпывающую модель развития эпидемии и выбрать вакцину на очередной эпидемический сезон. В случае возбудителя гепатита С филогенетические методы применяются для расследования эпидемических вспышек. При изучении ВИЧ существенны как история возникновения эпидемии и её распространения, в частности в России, так и оценка возможности появления новых штаммов из природных резервуаров.

Филогенетические методы находят применение и в судебной практике, когда решаются вопросы о преднамеренных или медицинских заражениях. По-видимому, первым примером использования эволюционной теории в судебной практике было известное "дело флоридского дантиста". Поскольку вирусы ВИЧ эволюционируют очень быстро, штаммы, обнаруженные у врача и заражённых им пациентов были различны, поэтому потребовалось специальное исследование, чтобы доказать их общее происхождение. В 2006 г. эволюционный анализ вирусов гепатита С и ВИЧ подтвердил ложность обвинений в предумышленном заражении пациентов, инкриминированных ливийскими властями группе болгарских медиков; впрочем, на суде результаты экспертизы не оглашались.

Исследование более отдалённых во времени событий позволяет связать появление патогенных бактерий с теми или иными периодами в истории человечества – это полезно для прогнозирования возникновения новых инфекций. Так, в литературе обсуждалось совпадение времени возникновения поливного земледелия и начала радиации малярийного плазмодия *Plasmodium falciparum*, а также недавнее (менее 20 тыс. лет) происхождение возбудителя чумы *Yersinia pestis* из относительно слабого патогена *Yersinia pseudotuberculosis*. Сравнительное изучение множества штаммов возбудителей туберкулеза человека, *Mycobacterium tuberculosis*, и коров, *Mycobacterium bovis*, поставило под сомнение гипотезу о недавнем происхождении *M. bovis* из *M. tuberculosis*.

В историческом плане существенны и другие приложения филогенетических методов. Например, было показано, что одомашнивание риса в Индии и в Китае происходило независимо, а ячмень был одомашнен на территории Малой Азии и в восточном Иране. Расхождение эволюционных линий головной и платяной вши (*Phtirus humanus capitidis* и *Phtirus humanus corporis*) совпадает

по времени с радиацией современного человека из Африки и, по-видимому, связано с появлением одежды.

Развитие методов анализа микроскопических количеств генетического материала позволяет секвенировать гены вымерших видов, что также улучшает наше понимание эволюционных событий. Уже секвенированы полные митохондриальные гены мастодонта и нескольких особей мамонта, который, как оказалось, более близок к азиатскому слону, чем африканский слон к ним обоим.

Полностью секвенирован митохондриальный геном неандертальца. Секвенирование фрагментов митохондриальных геномов нескольких особей неандертальца показало отсутствие смешивания между неандертальцами и предками современного человека. Этот вывод подтверждён секвенированием гипервариабельного локуса митохондриальной ДНК кроманьонца, жившего в Италии 28 тыс. лет назад, то есть вскоре после начала расселения по Европе. Секвенирование ядерных генов – более сложная задача из-за малых количеств доступной ДНК, однако и тут достигнуто существенное продвижение. Так, секвенирование гена рецептора меланокаротина-1 из костей неандертальца и последующее тестирование кодируемого им белка выявило пониженную активность рецептора. Это означает, что неандертальцы имели светлую кожу и рыжие волосы.

На основании анализа современных митохондриальных геномов уже довольно давно установили, что самка – общий предок по материнской линии всех современных людей (так называемая Африканская Ева) – жила в Африке примерно 140 тыс. лет назад. Более обширные исследования показали, что койсанские племена Южной Африки генетически разделились с другой линией человечества примерно 120 тыс. лет назад, а воссоединение произошло около 40 тыс. лет назад; распространение же современного человека из Африки началось 60–70 тыс. лет назад. Сейчас активно ведутся работы по изучению точечных полиморфизмов в ядерном геноме в различных популяциях современного человека, и опять оказывается, что наибольшее разнообразие вариантов наблюдается в Африке.

Возвращаясь к филогенетическим деревьям генов, заметим, что многие методы их построения заодно реконструируют наиболее вероятную предковую последовательность. Это даёт возможность создать генно-инженерную конструкцию с таким геном, получить соответствующий белок и исследовать его свойства. В результате удается сделать нетривиальные заключения о предковом организме. Реконструкция зрительно-

го пигмента родопсина из последнего общего предка птиц и крокодилов – динозавра – позволила измерить его спектр поглощения. Оказалось, что он несколько сдвинут в красную сторону, что характерно для видов, имеющих пик активности в сумерки. Аналогично, реконструкция предковой алкогольдегидрогеназы дрожжей показала, что она была оптимизирована для продукции, а не потребления этанола. По-видимому, это требовалось для реутилизации вещества НАД-Н, произведённого при гликолизе, а возможность использовать образующийся этанол появилась уже позднее. Кроме того, поскольку многие микроорганизмы не могут развиваться в присутствии этанола, субстрат (гниющие фрукты) был защищён от конкурентов.

Для разрешения дискуссионного вопроса о том, являлся ли последний общий предок всех организмов термофилом или мезофилем, был реконструирован фактор элонгации трансляции EF-Tu/EF-1 $\alpha$ , точнее, целая серия белков, соответствующих различным внутренним узлам филогенетического дерева. Измерение термостабильности этих белков показало, что температура среды, в которой жили далёкие предки, за 3 млн. лет уменьшилась на 30°C. Примечательно, что эти результаты согласуются с данными изотопного анализа.

Детальная реконструкция и экспериментальные исследования промежуточных белков объясняют не просто детали, но иногда и основные принципы процесса молекулярной эволюции. Так, реконструирована история гена бета-лактамазы, изменения в котором привели к развитию устойчивости бактерий к цефотаксиму – цефалоспорину третьего поколения. По сравнению с исходным белком, в варианте из устойчивых бактерий имеется пять мутаций. Были синтезированы и проверены на способность к разложению цефотаксима белки, содержащие все возможные комбинации этих мутаций. Оказалось, что лишь небольшая часть всех допустимых траекторий (10 из 120) такова, что каждая следующая мутация повышает устойчивость и может быть закреплена отбором.

Изучение полных геномов позволяет понять, откуда берутся новые гены. Уже давно высказано предположение о том, что основной источник новых генов – дупликации. После такого события одна из копий сохраняет старую функцию, а функция другой изменяется. Действительно, сравнительно-геномный анализ свидетельствует о первоначальном ускорении эволюции после события дупликации, причём во многих случаях это ускорение происходит только в одной из копий. Особый интерес представляют ситуации, когда функция меняется радикально. Наглядный при-

мер тому – происхождение змеиных токсинов из ферментов – цистатинов, лектинов, фосфолипаз и т.д. Вовлечение большинства этих белков в реализацию новой функции произошло у общего предка ныне живущих змей.

Другим примером изменения функции белков служат так называемые антифризные белки у рыб, обитающих в холодных водах. Эти гликопротеины препятствуют образованию кристаллов льда, разрушающих клетки. Они есть у арктической трески (*Gadidae*) и у антарктических нототений (*Notothenioidea*). Их структура схожа: её составляют дисахариды, связанные с многочисленными трипептидными повторами (тронин–аланин–аланин). Однако сравнение экзон-инtronной структуры генов и анализ использования синонимичных кодонов указывают на независимое происхождение этих белков, причём белок нототений изначально был трипсиногеном, предшественником протеолитического фермента.

Ещё один пример подобного рода – независимое происхождение кристаллинов глаза у различных млекопитающих и беспозвоночных из самых разных ферментов. Иногда, как в предыдущих случаях, после дупликации кристаллином становился белок, кодируемый одной из копий, а иногда белок, сохранивший ферментативную активность, дополнительно приобретал свойства кристаллина. Получены данные о происхождении казеина – белка молока – из белков зубной эмали у млекопитающих, начиная с утконоса, и о независимом происхождении компонентов яда из антибактериальных пептидов дефензинов у рептилий и утконоса.

Приведённые выше примеры – это дупликации, затрагивающие одно семейство генов. Секвенирование полных геномов позволило доказать, что в истории многих таксонов происходили полногеномные дупликации. В докромосомную эпоху такие дупликации предполагали для самых разнообразных организмов – от дрожжей до рыб, однако отличить полногеномные дупликации от протяжённых сегментных повторов не представлялось возможным. Дело в том, что полногеномная дупликация сопровождается быстрой потерей большинства из удвоившихся генов, и оставшихся пар недостаточно для достоверной статистики. Однако сравнение полных геномов позволяет учесть расположение генов на хромосоме, которое сохраняет следы порядка до дупликации. Особенно полезно при этом сравнение с родственными геномами, не претерпевшими дупликации. Так, полногеномная дупликация в предке дрожжей из рода *Saccharomyces* была доказана в результате сравнения с секвенированным геномом *Kluyveromyces waltii*. Аналогично были выявлены полногеномные дупликации в истории рыб и ран-

них позвоночных. Геномный анализ позволяет не только описывать дупликации и другие события (слияния и разрывы хромосом, большие инверсии и т.п.), но и восстанавливать предковый кариотип.

Ещё одним источником новых генов служит горизонтальный перенос – заимствование генов из других организмов. Само по себе явление горизонтального переноса генов известно давно (например, это один из основных механизмов распространения лекарственной устойчивости бактерий), однако лишь сведения о полных геномах дали возможность оценить его масштабы: по некоторым оценкам, практически все гены прокариот претерпевали горизонтальный перенос хотя бы однажды в своей истории. Выявлены обширные переносы генов между бактериями и археями и даже эукариотами. Всё это породило сомнения в применимости концепции филогенетического дерева к прокариотам. Похоже, тем не менее, что филогенетический сигнал от вертикально наследуемых генов достаточно силен для реконструкции филогении. В частности, частота переносов существенно выше между близкими видами (что сохраняет основной филогенетический сигнал). Исключение составляют лишь переносы между таксономически далёкими организмами, живущими в одних сообществах.

У эукариот существенными факторами эволюции выступают экзон-инtronная структура генов и альтернативный сплайсинг. Новые ("молодые") экзоны сначала являются альтернативными, а потом, если окажутся полезными, уровень их включения в геном увеличивается, по-видимому, за счёт регуляторных механизмов. Поскольку изначально последовательности таких экзонов неоптимальны, они испытывают действие положительного отбора.

Однако эволюция геномов происходит не только на уровне отдельных генов. Подобно тому, как новые белки собираются из отдельных доменов, из разнородных компонентов собираются и новые метаболические пути, то есть приобретается способность к синтезу новых веществ. Пример, промежуточный между этими ситуациями, – модульные гены поликетид-синтаз, перестановка доменов в которых приводит к появлению новых продуктов реакции. Чрезвычайная пластичность катаболических оперонов псевдомонад и, в частности, приобретённая ими способность утилизировать субстраты, не существовавшие на Земле до развития химической промышленности, делает несостотельный стандартный довод креационистов о том, что "естественный отбор не может создать ничего нового и сложного".

В последние годы становится ясной эволюционная роль регуляторных взаимодействий. До-

ступность большого числа геномов даёт в ряде случаев возможность реконструировать в деталях историю перестроек регуляторных систем у бактерий и дрожжей. И хотя таких примеров пока немного, уже известны попытки количественной оценки эволюционных регуляторных событий.

Ещё более убедительны экспериментальные исследования регуляторных систем многоклеточных эукариот. Замена регуляторной области гена *Prx1*, управляющего развитием передней конечности у мыши, на регуляторную область гомологичного гена летучей мыши (без изменения самого гена) привела к увеличению длины конечности на 6%. Устойчивость растения *Arabidopsis halleri* к тяжёлым металлам зависит от уровня экспрессии гена *HMA4*, и пересадка этого гена вместе с регуляторной областью в геном *Arabidopsis thaliana* повышает устойчивость реципиента к цинку. Уровень экспрессии двух генов – *Bmp4*, кодирующего белок морфогенеза костей, и кальмодулина *CaM* – играет ключевую роль в классической системе, послужившей одним из источников для разработки дарвиновой теории естественного отбора – системе определения размера клюва вьюрков с Галапагосских островов.

Хотя детально изучено лишь небольшое число регуляторных систем многоклеточных эукариот, их сопоставление показывает, что достаточно радикальные изменения в строении тела могут достигаться относительно небольшими перестановками в иерархии гомологичных регуляторных модулей. Например, развитие внешнего скелета морского ежа зависит от ранней активации модуля, отвечающего у других иглокожих за минерализацию игл. Эти и другие аналогичные примеры породили острую полемику об относительной важности эволюции генов и регуляторных сайтов, влияющих на уровень их экспрессии. По-видимому, более полный ответ на эти вопросы будет дан в обозримом будущем, поскольку сведения о регуляторных взаимодействиях и уровнях экспрессии генов в различных организмах накапливаются достаточно быстро.

Особый интерес представляют проблемы происхождения жизни и происхождения человека. Многие группы исследователей целенаправленно осуществляют поиск генов, особенно быстро эволюционировавших на пути, ведущем к человеку. По-видимому, многие из таких генов играют важную роль в развитии головного мозга, однако не обнаружено преобладания генов, экспрессирующихся в мозгу, в ряду генов, находящихся под положительным отбором. Хотя палеогенетические данные свидетельствуют об отсутствии скрещивания между современным человеком и неандертальцем, в случае одного такого гена – микроце-

фалина *MCPH1* – показано быстрое распространение в современной человеческой популяции варианта, который отделился от основной ветви более 1 млн. лет назад и проник обратно приблизительно 37 тыс. лет назад. Это может свидетельствовать об интроверсии данного локуса, происходящего из генома неандертальца. Проводится поиск межгенных (потенциально регуляторных) областей, консервативных во всех приматах, кроме человека. Существует гипотеза, согласно которой изменения в таких областях могут быть фактором антропогенеза. Ещё одним объектом исследований служат семейства генов, число членов в которых существенно возросло в геноме человека по сравнению с другими приматами.

Иной аналитический подход к проблеме происхождения человека связан с использованием не геномных, а транскриптомных данных. При этом выделяются гены, уровень экспрессии которых сильно меняется на линии человека независимо от причин самих изменений. Показано, что многие из таких генов отвечают за энергетический метаболизм в мозге, и, помимо прочего, экспрессия этих же генов изменяется при шизофрении. Подобные наблюдения свидетельствуют о том, что человеческий мозг функционирует практически на пределе своих метаболических возможностей, а значит, эволюция биохимических процессов в нём не завершена.

Разумеется, сравнение геномных последовательностей ничего не говорит о самых первых этапах эволюции биохимических систем. Однако эта информация позволяет приблизиться к реконструкции свойств последнего общего предка всех современных живых существ. Выше уже говорилось о том, что этот предок предположительно был термофилом. Поскольку аппарат трансляции гомологичен во всех трёх основных ветвях таксономии живых существ (бактерии, археи, эукариоты), тогда как механизмы репликации и транскрипции различаются, было высказано предположение о том, что геном общего предка был РНКовым. Более спорная, но весьма интересная гипотеза допускает, что у общего предка не было мембранны – эта идея основана на радикальном различии состава и путей биосинтеза мембран бактерий и архей. Впрочем, против такого предположения выдвинуты возражения общего характера, в основном связанные с трудностями, которые возникают, когда необходимо объяснить стабильность реплицирующихся комплексов в отсутствие мембраны. Очевидно, что увеличение числа доступных для анализа геномов существенно повышает разрешающую способность сравнительных методов. Эта ситуация аналогична той, что имеет место в других науках, за-

нимающихся восстановлением предковых состояний, скажем, в задаче реконструкции прайзыков в лингвистической компаративистике.

Таким образом, сейчас можно говорить, как минимум, о четырёх аспектах изучения процессов молекулярной эволюции. В наиболее традиционной постановке – это эволюция последовательностей нуклеиновых кислот и белков. Эволюционная история видов в данном случае реконструируется путём согласования филогенетических деревьев построенных по различным группам генов. Анализ полных геномов позволяет изучать историю кариотипа. В этой задаче появляется другой набор элементарных событий: вместо точечных замен и коротких вставок и делеций, как в случае генов, событием является перестановка хромосомных фрагментов, слияния и разрывы хромосом. Такой подход даёт возможность строить филогенетические деревья, но уже на целых геномах. Изучение событий, формирующих геном (дупликации, горизонтальные переносы и т.п.) крайне важно при исследовании прокариот, обладающих большой пластичностью генома. Штаммы одного вида различаются на 30% по составу генов при практической идентичности генов из общего набора. Наконец, в последнее время появилась возможность изучать эволюцию регуляторных систем и уровней экспрессии генов. Можно надеяться, что это приведёт к пониманию таких давно обсуждаемых вопросов, как эволюция планов строения тела у животных, неравномерность скоростей морфологической эволюции и т.п.

Следует сказать, что российская наука вносит немалый вклад в разработку проблем эволюционной биологии. Хотя экспериментальная база для исследований в области геномики в России минимальна (достаточно сказать, что первый бактериальный геном *Acholeplasma laidlawii* был секвенирован в России только в 2007 г.), отечественные учёные используют множество баз данных, доступных через Интернет. Конечно, российским учёным не удается “снимать сливки” пользуясь близостью к источникам экспериментальных данных, но возможность для достаточно глубоких исследований у них всё же остаётся.

Работы в области популяционной генетики ведутся в Институте общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Институте молекулярной генетики РАН, Институте биохимии и генетики Уфимского научного центра РАН, Томском государственном университете; по филогенетике и систематике – в Институте физико-химической биологии им. А.Н. Белозерского МГУ и Институте цитологии и генетики СО РАН; по сравнительной геномике – на факультете биоинженерии и биоинформа-

матики МГУ и в Институте проблем передачи информации им. А.А. Харкевича РАН; по эволюции регуляторных систем – в Институте проблем передачи информации им. А.А. Харкевича РАН и в ГосНИИ генетики и селекции промышленных микроорганизмов. Среди интересных результатов, полученных в последние годы, – секвенирование митохондриального генома мамонта, пересмотр таксономии некоторых групп простейших, развитие теории эволюции генов за счёт альтернативного сплайсинга, разработка методов эволюционного анализа регуляторных систем и, в частности, открытие одной из древнейших регуляторных систем – РНК-переключателей.

Тем более огорчен контраст между достаточно высоким уровнем научных достижений российских учёных в эволюционной биологии и ослаблением позиций эволюционной теории в обществе. Активность представителей Русской православной церкви в пропаганде креационизма, предлагаемого как “научное” подтверждение религиозных представлений, остаётся без активного ответа со стороны научного сообщества. Лишь Интернет-сайт “Проблемы эволюции” (<http://macroevolution.narod.ru/>) и журнал “Здравый смысл” (<http://www.atheismru.narod.ru/humanism/journal.htm>) систематически пытаются противостоять антиэволюционному потоку в средствах массовой информации. Они поддерживаются усилиями всего нескольких человек.

Руководители РПЦ неоднократно высказывались по поводу необходимости заменить преподавание теории эволюции в школах на ту или иную форму обучения религии. В феврале 2006 г. правящий делами Московской патриархии митрополит Калужский и Боровский Климент так высказался на пресс-конференции: «Учебники ещё старые, в них доминирует дарвинизм. Советский менталитет ещё присутствует в системе образования. Если ребёнок отвечает с позиции юбилейской теории происхождения мира, то ему говорят: “Садись, двойка”» [1]. Годом позже на рождественских образовательных чтениях в Кремле Патриарх Алексий II сказал: “Если кто хочет считать, что он произошёл от обезьяны, – пусть так считает, но не навязывает это другим” [2]. Позицию патриарха разъяснил заместитель лавы Отдела внешних церковных связей протоиерей Всеволод Чаплин: “Я читал многие свидетельства учёных людей, которые считают, что в теории Дарвина достаточно много натяжек. Но крайней мере, те археологические данные, которые нам подавали в школьных советских учебниках как нечто незыблёмо. Это очень фрагментарные данные и они абсолютно не являются твёрдыми основаниями в подтверждении то-

го, что вид биологический может переходить в другой вид, этого никогда не происходило в истории. Нет оснований считать, что это происходило в древности. И, так или иначе, доказательств этой теории мало. А значит, утверждать, что она является доказанной научной истиной, по крайней мере, опрометчиво” [3].

В 2006–2007 гг. в Санкт-Петербурге проходил судебный процесс, на котором рассматривался иск школьницы Маши Шрайбер с требованием запретить преподавание эволюционной теории как доминирующей и включить в школьный курс креационистскую теорию “разумного замысла” [4]. Этот процесс стал поводом для письма группы учёных, в том числе и членов Российской академии наук, в защиту эволюционной биологии [5]. После продолжительного процесса, сопровождавшегося многочисленными пиаровскими акциями со стороны истца, в удовлетворении иска было отказано. К сожалению, ни на самом процессе, ни в печати не была представлена точка зрения Российской академии наук.

Летом 2007 г. было опубликовано открытое письмо десяти членов РАН, физиков и биологов, Президенту РФ [6]. Основным содержанием письма был протест против клерикализации образования в России. На это письмо ответили многие видные представители РПЦ, выдвинувшие обвинения в политическом заказе и желании развернуть “гонения на православие”, что вполне естественно. Странно другое. С критикой письма выступил Научный совет по религиозно-социальным исследованиям Отделения общественных наук РАН [7], а также ряд членов академии, письмо которых начиналось словами: “Считаем необходимым заявить, что названное письмо (письмо десяти академиков. – М.Г.) не выражает мнения всех членов Российской академии наук”, а заканчивалось: “Мы выражаем сожаление, что Российской академии наук начинают втягивать в антирелигиозные баталии и использовать её авторитет для достижения каких-то частных идеологических целей” [8]. Руководство Российской академии наук опять предпочло промолчать.

Возможно, дело в том, что президент РАН, академики-секретари двух отделений, ещё ряд академиков входят в состав президиума Всемирного русского народного собора, одной из уставных целей которого является “содействие усилению роли Православной церкви в жизни общества” [9]. Первого декабря 2006 г. было подписано соглашение о сотрудничестве между Российской академией наук и Московской патриархией, а через четыре дня – между Московским государственным университетом и Московской духовной академией. Ясно, что в такой ситуации выступать против

прокитированных выше высказываний было бы бесстактно. Тем более что руководители РАН и сами испытывают сомнения по поводу эволюционной теории: в интервью на радиостанции "Эхо Москвы" 3 февраля 2007 г. президент РАН Ю.С. Осипов сказал буквально следующее: "А что касается теории Дарвина, ну, вы же понимаете, что разные точки зрения даже среди учёных есть на эту теорию". Впрочем, справедливо ради, надо сказать, что в этом интервью академик Ю.С. Осипов всё-таки высказался против преподавания в школах теории божественного происхождения человека [10].

Пассивность в защите и научной пропаганде эволюционной теории в нашей стране особенно заметна в сравнении с тем пристальным вниманием, с которым относятся к проблеме преподавания теории эволюции академии наук западных стран, где возникают аналогичные проблемы. Поскольку не прекращаются попытки ввести преподавание креационизма (в последнее время – в форме "теории разумного замысла") в школах ряда штатов США, Национальная академия наук регулярно выпускает документы, в которых излагается современное состояние эволюционной биологии и высказывается солидарное мнение академии по вопросам преподавания религиозных теорий на уроках биологии. Такой документ был впервые издан в 1984 г. и переиздан в 1999 г. [11]. Выдержки из последнего издания [12] рассматривались на судебных процессах, в которых была установлена неконституционность преподавания креационизма в школах. В 2006 г. Королевское общество Великобритании выступило с кратким заявлением, в котором также выразило свое отрицательное отношение к преподаванию креационизма и извращению положений эволюционной теории [13]. Академии 27 европейских стран подписали декларацию по поводу преподавания теории эволюции, что послужило катализатором для принятия резолюции № 1570 Парламентской ассамблеи Совета Европы "Опасность креационизма для образования" [14]. Последний пункт этой резолюции призывает академии, которые ещё не присоединились к декларации, сделать это. Российская академия наук должна проявить гражданское мужество и научную солидарность и публично выразить свою поддержку преподаванию и развитию эволюционной теории и протест против усиливающихся попыток клерикализации образования в России.

## ЛИТЕРАТУРА

1. В Московской патриархии сожалеют, что в школах по-прежнему доминирует дарвинизм // Интерфакс. 2006. 2 февраля (<http://www.interfax-religion.ru/?act=news&div=9182>)
2. Слово Святейшего Патриарха Алексия на открытии XV Рождественских образовательных чтений // Патриархия.ru. 2007. 29 января (<http://www.patriarchia.ru/db/text/188230.html>)
3. Чаплин В. Что изучать в школе: Библейское учение о происхождении человека или теория Дарвина? // Эхо Москвы. 2007. 3 февраля (<http://www.echo.msk.ru/programs/razvorot/49231>)
4. Куприянов А. Оскорбление лицедействием. Первый раунд антидарвинистского фарса завершился: детали // Полит.ру. 2007. 27 февраля (<http://www.polit.ru/science/2007/02/27/monkeytrial03.html>)
5. Александров Е.Б., Бородин П.М., Гинзбург В.Л., Деревянко А.П., Захаров И.К., Инге-Вечтомов С.Г., Каныгин А.В., Капица С.П., Кругляков Э.П., Молодин В.И., Пармон В.Н., Садовский М.В., Спирин А.С., Чарушин В.Н., Шумный В.К. Новый обезьяний процесс? // Известия 2006. 20 марта (<http://www.izvestia.ru/comment/article3091237/>)
6. Александров Е., Алфёров Ж., Абелев Г., Барков Л., Воробьёв А., Гинзбург В., Инге-Вечтомов С., Кругляков Э., Садовский М., Черепацук А. Политика РПЦ: консолидация или развал страны? // Новая газета. 2007. 23 июля (<http://www.novayagazeta.ru/data/2007/kentavr03/00.html>)
7. Пресс-релиз заседания Научного совета по религиозно-социальным исследованиям Отделения общественных наук Российской академии наук (НС РСИ ООН РАН) 26 июля 2007 г. ([http://www.synbibl.ru/irs1/html/\\_announcements.html](http://www.synbibl.ru/irs1/html/_announcements.html))
8. Мальцев Г.В., Кузнецов Ф.Ф., Энеев Т.М., Заварзин Г.А., Голицын Г.С. Заявление представителей РАН в связи с "письмом десяти" // Интерфакс. 2007. 1 ноября (<http://www.interfax-religion.ru/?act=documents&div=681>)
9. Международная общественная организация "Всемирный русский народный собор". Устав // VRNS.ru (<http://www.vrns.ru/about/ustav.php>)
10. Осипов Ю. Есть ли будущее у российской науки? // Эхо Москвы. 2007. 3 февраля (<http://www.echo.msk.ru/programs/proverka/49350/>)
11. Science and Creationism. A View from the National Academy of Sciences. Washington, DC: National Academy Press, 1999.
12. Science, Evolution and Creationism. Washington, DC: National Academy Press, 2008.
13. A statement by the Royal Society on evolution, creationism and intelligent design // royalsociety.org. 2006. 11 апреля (<http://royalsociety.org/news.asp?id=4298>)
14. Resolution 1570. The dangers of creationism in education // assembly.coe.int. 2007. 4 октября (<http://assembly.coe.int/Main.asp?link=/Documents/AdoptedText/ta07/ERES1580.htm>)