

Министерство сельского хозяйства РФ
Департамент научно-технологической политики и образования

Федеральное государственное учреждение
Высшего профессионального образования
«Красноярский государственный аграрный университет»

Эколого-биотехнологический факультет

Кафедра экологической генетики
и биотехнологии

Реферат

Тема: «Изменчивость прокариот: генотипическая и модификационная»

Выполнил:

Проверил:

Красноярск 2017

Содержание

Введение	3
1. Различия и сходства генетической структуры прокариот и эукариот	5
2. Генотопическая и модификационная изменчивость прокариот	9
3. Роль изменчивости прокариот в эволюции и систематике организмов	14
Заключение	24
Использованная литература	25

Введение

Как бы ни различались живые организмы между собой, их объединяет то, что они все состоят из клеток и имеют клеточную структуру. Все клеточные организмы имеют подразделение на безъядерные (прокариоты) и истинноядерные (эукариоты). К первым относятся бактерии, а ко вторым - растения, животные, грибы.

Надцарство (прокариоты, эукариоты) - в биологии высшая таксономическая категория в системе живых организмов. Среди эукариот (ядерных) выделяют царства животных, растений и грибов. ДНК эукариот сосредоточена в хромосомах. Прокариоты лишены типичных хромосом, тем не менее их строение приближается к строению клетки эукариот.

Большинство прокариот относятся к организмам одноклеточным, поэтому возможности для морфологического разнообразия у них очень ограничены, так как их размер часто меньше одного микрона.

Изменчивость прокариот и эукариот должна рассматриваться отдельно, так как прокариотам не свойствен тот характер изменчивости, который сопряжен с половым процессом.

Цель - изучить генотипическую и модификационную изменчивость прокариот.

Задачи:

- выяснить различия и сходства генетической структуры прокариот и эукариот;
- изучить генотипическую и модификационную изменчивость прокариот;
- выяснить роль изменчивости прокариот в эволюции и систематике организмов.

1. Различия и сходства генетической структуры прокариот и эукариот

Прокариоты (Procaryota) представлены царством так называемых дробянок, к которым относятся бактерии и синезеленые водоросли, в клетках которых нет ядра и ДНК в них не отделяется от цитоплазмы никакой мембраной. Эукариоты (Eucaryota) представлены тремя царствами: животных, грибов и растений, клетки которых содержат ядро и ДНК отделена от цитоплазмы ядерной мембраной, поскольку находится в самом ядре. Грибы выделены в отдельное царство, так как имеют, вероятно, происхождение от амебоидных двужгутиковых простейших, значит имеют более тесную связь с животным миром.

Если различие между прокариотами и эукариотами очевидно, как различие между простыми (элементарными) и сложными (комбинированными) организмами, то различие между архебактериями и эубактериями далеко не столь ясно. Эубактерии и архебактерии имеют явное сходство в строении клетки, клеточном цикле, 60% сходства в последовательности РНК; различий в метаболизме между ними не больше, чем между разными группами эубактерий (при большом сходстве в анаболизме).

Бактериальные ДНК - это высокополимерные соединения, состоящие из большого числа нуклеотидов - полинуклеотиды с молекулярным весом около 4 млн. Молекула ДНК представляет собой цепь нуклеотидов, где расположение их имеет определенную последовательность. В последовательности расположения азотистых оснований закодирована генетическая информация каждого вида. Нарушение этой последовательности возможно при естественных мутациях или же под влиянием мутагенных факторов. При этом микроорганизм приобретает или утрачивает какое-либо свойство. У него наследственно изменяются признаки,

т. е. появляется новая форма микроорганизма. У всех микроорганизмов - прокариот и эукариот - носителями генетической информации являются нуклеиновые кислоты - ДНК и РНК. Лишь некоторые вирусы представляют собой исключение: у них ДНК отсутствует, а наследственная информация записана или отражена только в РНК.

ДНК бактерий представляет собой двунитчатую спираль, замыкающуюся в кольцо. Кольчатая нить ДНК бактерий, расположенная в нуклеоиде, не содержит белка. Такое кольцо ДНК соответствует хромосоме эукариотической клетки. Известно, что в хромосоме эукариотических клеток, кроме ДНК, всегда содержится белковый компонент. Отсюда следует, что понятие хромосомы у эукариотов несколько отличается от понятия хромосомы бактерий. Нить ДНК, представляющая собой хромосому бактерий у разных видов различается: сахарофосфатный компонент ДНК у всех видов бактерий одинаков; расположение азотистых оснований и их комбинация, напротив, различаются у разных видов.

Делению бактериальной клетки предшествует деление дискретных телец - нуклеоидов, которые можно выявить специфическими реакциями и методами окраски, особенно после предварительной специальной обработки препаратов.

Считают, что генетический контроль синтеза белков у прокариот и у эукариот осуществляется как на уровне транскрипции (частота синтеза РНК, процессинг РНК, транспорт РНК из ядра, стабильность РНК), так и на уровне трансляции (частота трансляций, регуляции синтеза белковых факторов, ответственных за инициацию, элонгацию и терминацию полипептидной цепи). Считают также, что у эукариот в генетической регуляции имеет значение структура хроматина, которая блокирует доступ специфических активирующих белков (активаторов) к промоторам.

В случае прокариот между генами последовательность азотистых оснований ДНК и полипептидной цепью существует коллинеарность. Однако у эукариот гены вдоль хромосом располагаются не непрерывно, поскольку они разделены другими последовательностями ДНК. Поэтому коллинеарности в случае эукариот не существует. Кроме того, в геноме эукариот различают два типа последовательностей - транскрибируемые и транслируемые последовательности, которые определяют первичную структуру белков и называются эксонами, и транскрибируемые, но не транслируемые («молчащие») последовательности, называемые интронами. Следовательно, гены содержат как эксоны, так и интроны. Можно сказать, что для генов эукариотов характерна мозаичность, которая имеет место практически на протяжении всего генома.

У эукариот синтез ДНК является более медленным (1 молекула ДНК в минуту) по сравнению с прокариотами (30 молекул ДНК в минуту).

Наряду с описанной схемой транскрипции у некоторых РНК-овых вирусов известна так называемая обратная транскрипция, при которой матрицей для синтеза ДНК является РНК и которая осуществляется ферментом, получившим название обратной транскриптазы (ревертазы). Здесь реализация генетической информации идет по схеме РНК – ДНК - белок. Как свидетельствуют исследования, обратная транскриптаза найдена как у прокариот, так и эукариот.

Генотип (геном) бактерий представлен не только хромосомными генами. Функциональными единицами генома бактерий, кроме хромосомных генов, являются:

- IS-последовательности;
- транспозоны;
- плазмиды.

IS-последовательности - короткие фрагменты ДНК. Они не несут структурных (кодирующих тот или иной белок) генов, а содержат только гены, ответственные за транспозицию (способность IS-последовательностей перемещаться по хромосоме и встраиваться в различные ее участки). IS-последовательности одинаковы у разных бактерий.

Транспозоны - это молекулы ДНК, более крупные, чем IS-последовательности. Помимо генов, ответственных за транспозицию, они содержат и структурный ген, кодирующий тот или иной признак. Транспозоны легко перемещаются по хромосоме. Их положение сказывается на экспрессии как их собственных структурных генов, так и соседних хромосомных. Транспозоны могут существовать и вне хромосомы, автономно, но неспособны к автономной репликации.

Плазмиды - кольцевые суперспиралевидные молекулы ДНК. Их молекулярная масса колеблется в широких пределах и может быть в сотни раз больше, чем у транспозонов. Плазмиды содержат структурные гены, наделяющие бактериальную клетку разными, весьма важными для нее свойствами:

- R-плазмиды - лекарственной устойчивостью;
- Col-плазмиды - способностью синтезировать колицины;
- F-плазмиды - передавать генетическую информацию;
- Шу-плазмиды - синтезировать гемолизин;
- Тох-плазмиды - синтезировать токсины;
- плазмиды биodeградации - разрушать тот или иной субстрат и т. д.

Передача неконъюгативных плазмид от одних бактерий к другим обеспечивается содержащимися в клетках факторами переноса или коинтегративными плазмидами, которые мобилизуют их на перенос. Среди эукариотов плазмиды идентифицированы у низших грибов.

2. Генотопическая и модификационная изменчивость прокариот

Изменчивость у прокариот может быть ненаследуемой (модификационной) и генотипической (мутации, рекомбинации).

Временные, наследственно не закрепленные изменения, возникающие как адаптивные реакции бактерий на изменения окружающей среды, называются модификациями (чаще - морфологические и биохимические модификации). После устранения причины бактерии реверсируют к исходному фенотипу.

Возможности изучения наследственного аппарата бактерий имеют ряд особенностей: бактерии обладают высокой скоростью размножения, в связи с чем за короткий промежуток времени (сутки) сменяется несколько десятков поколений бактерий. Это дает возможность изучать огромные по численности популяции и достаточно легко выявлять даже редкие по частоте мутации.

Фенотипическая изменчивость - модификация - не затрагивает генотип, но затрагивает большинство особей популяции. Модификации не передаются по наследству и с течением времени затухают, т.е. возвращаются к исходному фенотипу через большее (длительные модификации) или меньшее (кратковременные модификации) число поколений.

Стандартное проявление модификации - распределение однородной популяции на две или более двух типов- диссоциация. Пример- характер роста на питательных средах:

S- (гладкие) колонии;

R- (шероховатые) колонии;

M- (мукоидные, слизистые) колонии;

D- (карликовые) колонии.

Диссоциация протекает обычно в направлении от S к R. Диссоциация сопровождается изменениями биохимических, морфологических, а так же антигенных и вирулентных свойств для бактерий – возбудителей болезней.

Генотипическая изменчивость затрагивает генотип. В ее основе лежат мутации и рекомбинации.

Мутации - скачкообразные изменения наследственного признака. Мутации бактерий принципиально не отличаются от мутаций эукариотических клеток. Особенностью мутаций у бактерий является относительная легкость их выявления, так как имеется возможность работать с большими по численности популяциями бактерий.

По происхождению мутации могут быть:

- спонтанными;
- индуцированными.

По протяженности:

- точечными;
- генными;
- хромосомными.

По направленности:

- прямыми;
- обратными.

Одновременно у бактерий имеются различные механизмы репарации мутаций, в том числе с использованием ферментов - эндонуклеаз, лигаз, ДНК-полимеразы.

Генетические рекомбинации - изменчивость, связанная с обменом генетической информации. Генетические рекомбинации могут осуществляться путем трансформации, трансдукции, конъюгации, слияния протопластов.

1. Трансформация - захват и поглощение фрагментов чужой ДНК и образование на этой основе рекомбинанта.

2. Трансдукция - перенос генетического материала фагами (умеренными фагами - специфическая трансдукция).

3. Конъюгация - при непосредственном контакте клеток. Контролируется tra (transfer) опероном. Главную роль играют конъюгативные F- плазмиды.

Рекомбинации (обмен генетическим материалом) у бактерий отличаются от рекомбинаций у эукариот:

- у бактерий имеется несколько механизмов рекомбинаций;
- при рекомбинациях у бактерий образуется не зигота, как у эукариот, а мерозигота (несет полностью генетическую информацию реципиента и часть генетической информации донора в виде дополнения);
- у бактериальной клетки-рекомбината изменяется не только качество, но и количество генетической информации.

Трансформация - это обмен генетической информацией у бактерий путем введения в бактериальную клетку-реципиент готового препарата ДНК (специально приготовленного или непосредственно выделенного из клетки-донора). Чаще всего передача генетической информации происходит при культивировании реципиента на питательной среде, содержащей ДНК донора.

Для восприятия донорской ДНК при трансформации клетка-реципиент должна находиться в определенном физиологическом состоянии (компетентности), которое достигается специальными методами обработки бактериальной популяции.

При трансформации передаются единичные (чаще один) признаки. Трансформация является самым объективным свидетельством связи ДНК или

ее фрагментов с тем или иным фенотипическим признаком, поскольку в реципиентную клетку вводится чистый препарат ДНК.

Трансдукция - обмен генетической информацией у бактерий путем передачи ее от донора к реципиенту с помощью умеренных (трансдуцирующих) бактериофагов. Трансдуцирующие фаги могут переносить один или более генов (признаков).

Трансдукция бывает:

- специфической - переносится всегда один и тот же ген;
- неспецифической - передаются разные гены.

Это связано локализацией трансдуцирующих фагов в геноме донора:

- в случае специфической трансдукции они располагаются всегда в одном месте хромосомы;
- при неспецифической их локализация непостоянна.

Конъюгация - обмен генетической информацией у бактерий путем передачи ее от донора к реципиенту при их прямом контакте. После образования между донором и реципиентом конъюгационного мостика одна нить ДНК-донора поступает по нему в клетку-реципиент. Чем дольше контакт, тем большая часть донорской ДНК может быть передана реципиенту.

Основываясь на прерывании конъюгации через определенные промежутки времени, можно определить порядок расположения генов на хромосоме бактерий - построить хромосомные карты бактерий (произвести картирование бактерий).

Плазмиды бактерий могут быть интегрированы в хромосому (в отличие от IS-последовательностей и транспозонов, встраиваются в строго определенные участки), а могут существовать автономно. В этом случае они обладают способностью к автономной репликации, и именно поэтому в клетке может быть 2, 4, 8 копий такой плазмиды.

Многие плазмиды имеют в своем составе гены трансмиссивности и способны передаваться от одной клетки к другой при конъюгации (обмене генетической информацией). Такие плазмиды называются трансмиссивными.

Наличие F-плазмиды (фактор фертильности, половой фактор) придает бактериям функции донора, и такие клетки способны передавать свою генетическую информацию другим F-клеткам. Можно сказать, что наличие F-плазмиды является фенотипическим выражением (проявлением) пола у бактерий: с F-плазмидой связана не только донорская функция, но и некоторые другие фенотипические признаки - наличие F-пилей (половых ресничек) и чувствительность к L-фагам. С помощью F-ресничек устанавливается контакт между донорскими и реципиентными клетками. Через их канал и передается донорская ДНК при рекомбинации. На половых ресничках расположены рецепторы для мужских f_j -фагов. F-клетки не имеют таких рецепторов и нечувствительны к таким фагам.

3. Роль изменчивости прокариот в эволюции и систематике организмов

Генетика микроорганизмов представляет базовую дисциплину для естествоиспытателей по простой причине: прокариоты были первыми обитателями Земли и сформировали ту биосферную систему, в которой появились и могли существовать все остальные организмы.

Эволюционный процесс основывается на том, что новый организм сначала согласуется с тем, что уже существует, и лишь потом изменяет систему отношений. Поэтому все существующее в биосфере согласовано с миром микробов, точнее с созданной ими биосферной системой. Эта система была единственной от начала развития жизни на Земле вплоть до перехода примерно 1 млрд лет назад, когда в мире микробов стали распространяться эукариоты. Их появление рассматривается как результат эндосимбиоза прокариот с предшественником эукариот, обладавшим способностью к включению внутрь клетки твердых частиц, в том числе и бактерий.

Эукариоты представляют комбинацию прокариот, т.е. систему разнородных компонентов, преобразовавшуюся в единство, в новый организм.

Одноклеточные и колониальные эукариоты обозначаются сборным названием протисты и служат объектом протистологии. По сравнению с бактериями протисты гораздо менее разнообразны по своим функциям, но у них, в дополнение к питанию растворенными веществами (осмотрофии) и фототрофному обмену, получила развитие способность захватывать твердые частицы через поверхность клетки (фагоцитоз), а у животных - зоотрофия.

По способу питания эукариоты разделились на осмотрофные грибы, фототрофные водоросли и растения и зоотрофные животные. Способность к фагоцитозу принципиально несовместима со строением прокариотной

клетки, не имеющей внутри ограниченных мембраной частей (компарментов).

Сравнительно рано возник и фотосинтез - процесс поглощения организмами световой энергии Солнца с преобразованием ее в химическую энергию. При реализации процесса образуются сахара и в атмосферу выделяется кислород, используемый затем животными и растениями в процессах дыхания.

Выделяющийся кислород в верхних слоях атмосферы под действием ультрафиолетовых лучей превращался в озон. Озоновый слой надежно защитил поверхность Земли от жесткого спектра солнечного излучения.

Кислородное дыхание оказалось энергетически более выгодным, чем бескислородный путь получения энергии клетками. Это способствовало возникновению более крупных и сложно устроенных клеток - эукариот, имеющих оформленное ядро - носитель генетической информации. Обычно считают, что появление эукариот (простейших, одноклеточных водорослей и грибов) произошло 1,5 млрд лет назад. Тогда же появились первые многоклеточные, постепенно развившиеся до современных форм флоры и фауны.

Предположение, что эукариоты возникли в результате симбиотического союза простых прокариотов, таких, как бактерии, в целом не противоречит логике. Гипотеза, что митохондрии (клеточные органеллы, которые извлекают энергию из кислорода и углеводов) произошли от аэробных бактерий; хлоропласты растений прежде были фотосинтезирующими бактериями.

В результате кризиса атмосфера превратилась из восстановительной в окислительную, а на Земле стали развиваться эукариоты, способные дышать кислородом и генетически мутировать. Эволюцию эукариот только за счет внутренних (эндогенных) перестроек макрофрагментов в их геноме

невозможно. Поэтому предполагается, что эволюция эукариот может происходить только экзогенно, путем освоения геномами и органоидами их клеток, функциональных слов и фраз бактериального генома. Поэтому считается, что без существования генного потока информации от бактерий (прокариот) к эукариотам нельзя объяснить эволюцию эукариот.

Вначале появилась крупная ядерная клетка - эукариот, способная дышать кислородом и генетически активная, совершенствующаяся путем мутаций. Именно генетическая активность резко усилила эволюционный процесс, а главное появилась возможность бесконечного усложнения жизненных форм. И, в частности, кроме всего прочего, жизнь на Земле невозможна без бактерий особых форм, которые определяют завершенность жизненных циклов, а именно выполняют важнейшую функцию деструкции органического материала, синтезируемого эукариотами.

В современной систематике, описывающей все разнообразие живой природы, выделяют ряд таксонов, наиболее крупные из которых – царства - бактерии, простейшие, грибы, растения и животные; в пределах каждого царства - типы, классы и более мелкие таксоны - группы организмов, различающихся по структуре тела и органов и по способам осуществления жизненных функций.

Тем не менее большинство современных ученых признает необходимость выделения таксона более высокого ранга. К ним относятся бактерии, включая архе- и цианобактерии. Аналогом ядра служит структура, состоящая из белков, ДНК и РНК. Они лишены хлоропластов, митохондрий и аппарата Гольджи. К ним относятся все остальные организмы. Деление на прокариот и эукариот характерно и для самых древних организмов.

Вторая категория слов служит для обозначения самого объекта биоразнообразия. В обозначении объектов живой природы сосуществуют две номенклатуры. Одна из них тривиальная и подчиняется правилам местного

языка, а другая научная. Они различаются по написанию: тривиальная пишется по правилам национального правописания и грамматики, а научная - по-латыни. При этом возможна путаница. Например, в тривиальном понимании «бактерии» - это эквивалент прокариот вообще, а в научной терминологии «Eubacteria» обозначает одну группу прокариот, противостоившую «Archaeobacteria», представителей которых иногда обозначают словом «археон» или «архед».

Путаницы много, поскольку резкое противопоставление между этими двумя группами прокариот, в отличие от противопоставления между прокариотами и эукариотами, имеет значение прежде всего в классификации по молекулярным признакам, но не по строению клетки или функционированию в природе. Связана эта настойчивость с приданием приоритета определенной категории признаков, важных для установления филогении, или генеалогии, которая считается основой научной классификации по порядку или последовательности происхождения. Для прокариот порядок происхождения выводится на основе молекулярных признаков и служит для филогенетической классификации

Наиболее крупные таксоны в классификации живых существ основаны как раз на цитологических различиях прокариот и эукариот. Затем производится анализ корреляции между признаками, и нередко дополнительные признаки, например молекулярно-биологические различия между прокариотами и эукариотами, затем принимаются за основные.

Следует заметить, что вне зависимости от примененной классификации объект продолжает содержать весь набор присущих ему признаков и плюс некоторое количество еще неизвестных признаков. Поэтому любая классификация приводит к возможности существования параллельных рядов или матрицы.

Если существующая систематика высших организмов отражает в определенной мере эволюционные связи между ними, т.е. признаки, используемые для выявления степени сходства, отражают и степень родства между этими организмами, то попытка создания на этой же основе систематики прокариот не была успешной.

Важным признаком, определяющим принадлежность организмов к одному виду, является их способность скрещиваться и давать жизнеспособное потомство. Однако прокариоты размножаются преимущественно неполовым путем, поэтому данный признак для определения видовой принадлежности к ним неприменим.

Отнесение прокариотных организмов к одному или разным видам осуществляется в большой степени эмпирическим путем на основе анализа многих признаков, при этом генетическая информация, содержащаяся в нехромосомных генетических элементах, для определения видовой принадлежности не используется.

Высокая скорость размножения бактерий, а значит и высокая скорость мутационных процессов, наличие горизонтального переноса генетической информации являются причиной быстрой изменчивости прокариот и вынуждают использовать очень большое число признаков для их классификации. Таким образом, в идеале, бактериальные виды необходимо описывать на основе полной, всеохватывающей характеристики фенотипа, а лучше - генотипа.

Однако в настоящий момент для большинства групп бактерий описана только часть фенотипа и совсем небольшая часть генотипа. В связи с развитием техники секвенирования ДНК в последние годы постепенно расшифровываются геномы все большего числа видов бактерий, что позволяет проводить сравнительный анализ полных геномных последовательностей. Однако этот подход крайне трудоемкий, сравнительно

слабо разработанный, и его использование также требует выделения исследуемых бактерий в чистую культуру.

По такому признаку как генетический материал, оказалось возможным на основании выявления степени сходства делать вывод о степени родства между прокариотами. Первоначально для таксономических целей сравнивали молярное содержание суммы гуанина и цитозина (ГЦ) в процентах от общего количества оснований ДНК у разных объектов. Этот показатель у прокариот колеблется от 25 до 75%, у эукариотных микроорганизмов амплитуда вариаций сужается: у грибов - 26-70%, водорослей - 37-68%, простейших - 22-68%, у высших растений и животных - 35-45%.

Технически более удобным методом оказалось сравнение бактериальных геномов по температуре плавления ДНК, т.к. она напрямую зависит от содержания ГЦ-пар, суммарная энергия водородных связей и, следовательно, температура плавления которых существенно выше, чем у АТ-пар. Однако ГЦ-показатель дает возможность только для грубого сравнения геномов. Если организмы имеют одинаковый нуклеотидный состав ДНК, возможно и сходство и различие между ними, поскольку генетическое кодирование основано не только на определенном содержании оснований в единице кодирования (триплете), но и на их взаимном расположении.

Более тонкий метод оценки генетического сходства организмов - сравнение нуклеотидных последовательностей ДНК из разных источников методом ДНК-ДНК- или ДНК-рРНК-гибридизации. Метод наиболее полезен для классификации на уровне вида, т.е. в случае изначально высокой степени гомологии сравниваемых организмов, и мало информативен для классификации объектов на уровне высоких таксонов. В то же время часто имеет место несовпадение выводов, сделанных на основании фенотипических признаков и ДНК-гибридизации.

В целом значение данных о строении ДНК для систематики прокариот огромно, так как позволяет перейти от установления степени сходства к выводам о степени родства между организмами. Помимо анализа молекул ДНК для установления степени родства между прокариотными организмами были разработаны методологические подходы, позволяющие сравнивать продукты отдельных генов, выполняющие в клетке одинаковые функции. Это могут быть белки (ферредоксины, цитохромы и др.) или рибосомальные РНК. С использованием последних в качестве филогенетических маркеров связано крупное открытие, позволяющее по-новому взглянуть на систему живого мира.

Использование рРНК для создания молекулярной филогенетической систематики прокариот. Рибосомальных РНК имеются у всех клеточных форм жизни, что указывает на их древнейшее происхождение; их функции всегда одинаковы и крайне важны для клетки; первичная структура в целом характеризуется высокой консервативностью.

Особенностью рРНК является нахождение вне сферы действия отбора, поэтому данные молекулы эволюционируют в результате спонтанных мутаций, происходящих с постоянной скоростью, и накопление таких мутаций зависит только от времени. Таким образом, мерой эволюционного расстояния между организмами служит количество нуклеотидных замен в молекулах сравниваемых рРНК.

Известно, что в рибосомах прокариот и эукариот присутствуют 3 типа рРНК, различающихся молекулярной массой и коэффициентом седиментации - 5S (5,8S), 16S (18S) и 23S (28S) рРНК. Информационная емкость крупных молекул больше, но их труднее анализировать, малые молекулы не дают необходимого спектра информации. Поэтому наиболее удобным оказался анализ молекул рРНК средней величины: 16S у прокариот и 18S у эукариот, состоящих из 1500 и 2500 нуклеотидов соответственно. К настоящему

времени последовательности 16S и 18S рРНК изучены более чем у 1800 видов организмов, принадлежащих к разным царствам живой природы.

На основании полученных данных были рассчитаны коэффициенты сходства сравниваемых организмов, что привело к неожиданным результатам: были выявлены не две группы организмов, различающихся прокариотным и эукариотным типом клеточной организации, а три.

Одну группу образуют все эукариоты: высшие растения, животные, дрожжи, водоросли и т. п. В нее не вошли органеллы эукариот (митохондрии и хлоропласты). Таким образом, первая группа представлена ядерно-цитоплазматическим компонентом эукариотных клеток.

Ко второй группе, получившей название истинных бактерий, или эубактерий, относится подавляющее большинство прокариот. Сюда же попали на основании степени гомологии 16S рРНК митохондрии и хлоропласты эукариотных клеток, причем выяснилось, что происхождение митохондрий связано с нефотосинтезирующими аэробными бактериями, а хлоропластов - с цианобактериями.

В третью группу вошли некоторые малоизученные прокариоты, обитающие в экстремальных условиях: метанобразующие бактерии, экстремальные галофилы и термоацидофилы. Эта группа организмов получила название архебактерий. По целому ряду свойств на молекулярном уровне, и, прежде всего по анализу 16-18S рРНК, выявленные три группы живых организмов значительно различаются между собой, что привело исследователей к выводу о приблизительно одинаковом «эволюционном» расстоянии между ними.

На основании анализа 16S рРНК сделаны также первые попытки выяснить филогенетические взаимоотношения в группе эубактерии. Все изученные эубактерии в соответствии с вычисленными коэффициентами сходства оказались распределенными на 10 эволюционных ветвей:

протеобактерии (ранее их называли «пурпурными» бактериями), грамположительные эубактерии, цианобактерии и хлоропласты эукариот, спирохеты, зеленые серные бактерии, группа *Bacteroides-Flavobacteria*, планктомицеты, хламидии, группа *Micrococcus*, зеленые несерные бактерии.

Практически значимым достижением в области идентификации считается установление того факта, что штаммы, различающиеся по последовательности 16S рРНК более чем на 3%, с высокой степенью достоверности принадлежат к разным видам. Появление такого способа формализации гетерогенности нуклеотидной структуры рРНК позволило более основательно подходить к таксономическому анализу выявляемых новых микроорганизмов.

Заключение

Прокариотам присуща адаптивная изменчивость - физиолого-биохимические модификации и мутационная изменчивость. Адаптивную изменчивость бактерий большинство исследователей рассматривает как фенотипическую, не затрагивающую генома, а мутационную - как бесспорно генотипическую. В основе процессов приспособления микробных культур к изменяющимся условиям лежат изменчивость и наследственность, являющиеся разделами генетики бактерий. Характерное строение ДНК сохраняется у каждого вида и передается потомству из поколения в поколение, как и другие признаки.

Основные фено- и генотипические характеристики, используемые для классификации микроорганизмов, используются и для идентификации, т.е. установления их таксономического положения и прежде всего видовой принадлежности. Идентификация осуществляется на основе изучения фено- и обязательно генотипических характеристик изучаемого вида прокариот и сравнения их с характеристиками известных видов. У патогенных микроорганизмов чаще изучают морфологические, тинкториальные, культуральные, биохимические и антигенные свойства. В последние десятилетия для классификации микроорганизмов все более широко и эффективно используется принцип определения степени гомологии генетического материала (ДНК, но чаще РНК).

Предположение эволюционной теории, что эукариоты возникли в результате симбиотического союза простых прокариотов, является основным в современной науке: митохондрии произошли от аэробных бактерий; а хлоропласты растений прежде были фотосинтезирующими бактериями.

Использованная литература

1. Браун В. Генетика бактерий. - Л.: Научная литература, 1968.
2. Домарадский И.В. Молекулярно-биологические основы изменчивости *Helicobacter pylori*. // Журнал «Микробиология» 2002 № 3.
3. Жимулев И.Ф. Общая и молекулярная генетика. - Новосибирск: Сибирское университетское издательство, 2006.
4. Заварзин Г.А. Развитие микробных сообществ в истории Земли. // Журнал «Проблемы эволюции биосферы» 1993 №2.
5. Егоров Н.С. Милько Е.С. Гетерогенность популяции бактерий и процесс диссоциации. // Журнал «Микробиология» 2002 № 3.
6. Клаг У.С., Каммингс М.Р. Основы генетики. - М.: Техносфера, 2005.
7. Пухальский В.А. Введение в генетику: краткий конспект лекций. - М.: КолосС, 2006.
8. Хесин Р.Б. Непостоянство генома. - Л.: Научная литература, 1984.
9. Щелкунов С.Н. Генетическая инженерия. - Новосибирск: Сибирское Университетское издательство, 2004.