

**РЕЦЕНЗИЯ НА УЧЕБНОЕ ПОСОБИЕ
“БИОРАЗНООБРАЗИЕ И СИСТЕМАТИКА МИКРООРГАНИЗМОВ”,
авт. И.Б. ИВШИНА, А.В. КРИВОРУЧКО, М.С. КУЮКИНА**

© 2021 г. С. Ю. Щеголев*

*Саратовский национальный исследовательский государственный университет
им. Чернышевского, Саратов, 410012 Россия*

**e-mail: redakciya@inmi.ru*

Поступила в редакцию 25.07.2020 г.

После доработки 27.07.2020 г.

Принята к публикации 27.07.2020 г.

DOI: 10.31857/S0026365621010079

Биоразнообразие микроорганизмов следует рассматривать в первую очередь как собрание их фенотипов в конгломератах, сосредоточенных в микробных сообществах (микробиомах), населяющих определенные экологические ниши, такие как почва, воздух, водная среда, организмы животных и т.п. Получаемые при этом сведения чрезвычайно важны для понимания эволюционных процессов и механизмов сложных взаимодействий с участием микроорганизмов, оптимального выбора объектов для их изучения и практического использования в интересах медицины, экологии, сельского хозяйства, энергетики, промышленности и др.

Большие надежды на усовершенствование подходов к филогенетическим исследованиям организмов (вообще) и прокариотов (в частности) привнесла геносистематика. С особенно впечатляющими успехами технологии 16S/18S рРНК в крупномасштабном режиме на уровне таксонов высокого порядка (от родов и выше), обеспечившей, в частности, разграничение представителей земной биоты на три домена жизни (бактерии, археи, эукариоты). Однако с развитием сравнительной вычислительной геномики и биоинформатики в этой отрасли знаний стал явственно ощущаться некий дискомфорт. Таковой обусловлен пониманием преобладающей роли горизонтального переноса генов (ГПГ) в приобретении прокариотами ряда фенотипических признаков, определяющих, в частности, их способность к адаптации и функционированию при существовании в разнообразных, часто меняющихся экологических нишах. На большом числе примеров становится все более очевидным разрыв между наиболее развитой на сегодняшний день систематикой прокариотов с использованием “генов домашнего хозяйства” (коровая часть пангенома) и той суммой наблю-

дений с фенотипическими признаками в рамках полифазного подхода, значительная часть которых определяется генами из подвижной (акцессорной) части пангенома. Одним из результатов оказались отраженные в литературе дискуссии с признанием все более ярко проявляющейся неоднозначности в определении и трактовке для прокариотов самого понятия вида. Отсюда следует очевидная условность оценок систематического положения изолятов и метагеномных объектов в рамках традиционной геносистематики с “вертикально” наследуемыми филогенетическими маркерами, далеко не всегда констатируемая в публикациях с результатами таксономических исследований прокариотов.

Перечисленными выше факторами, вероятно, объясняется необходимость переклассификации большого числа таксономических объектов (около 60% среди исследованных более ста тысяч) на традиционном древе жизни прокариотов, продемонстрированная в ряде недавних публикаций с результатами их фундаментальных филогенетических исследований. В данном контексте представляется перспективным развитие двухуровневой генетической системы оценки таксономического положения культивируемых штаммов и метагеномных объектов с учетом ГПГ. Однако достаточно “простого” (с точки зрения возможности его унификации) подхода к регистрации в таксономии прокариотов эффектов ГПГ, связанных с акцессорной составляющей пангенома, пока не прослеживается.

Таким образом, опубликование И.Б. Ившиной, А.В. Криворучко и М.С. Куюкиной учебного пособия “Биоразнообразие и систематика микроорганизмов” (Перм. гос. нац. исслед. ун-т. Пермь, 2019. 304 с.: ил. ISBN 978-5-7944-3421-7) следует признать довольно смелым и ответственным

ным шагом, поставившим перед авторами задачу выбора оптимальных способов изложения материалов, не лишенных отмеченной выше противоречивости. С этой задачей, по мнению рецензента, авторы справились вполне успешно, не пытаясь игнорировать, либо сглаживать “острые углы”, обнаруживаемые в современной систематике прокариотов.

Книга напечатана на 304 страницах и снабжена 18 рисунками. В списке использованной литературы приведены ссылки на 167 источников, в дополнительном списке отражен ряд принципиальных современных публикаций в российских и мировых изданиях по рассматриваемым в пособии темам. Материал пособия распределен по 10 разделам (главам), именуемым авторами лекциями, составленными в соответствии с опытом их преподавательской работы на биологическом факультете Пермского государственного национального исследовательского университета.

В лекции 1 даются определения микробного разнообразия, основных его составляющих среди культивируемых и некультивируемых в лабораторных условиях объектов, обсуждаются методологические вопросы. Перечисляются международные проекты, направленные на исследования микроорганизмов, используемых в различных сферах человеческой деятельности, в том числе для решения задач биоремедиации экосистем, подвергнутых действию антропогенных факторов. Как одно из наиболее важных достижений современной систематики, обогащенной результатами молекулярно-генетических исследований, обсуждается введение в рассмотрение филогенетического древа жизни с выделением на нем архей в третий, самостоятельный домен в дополнение к бактериям и эукариотам.

Следующие две лекции посвящены терминологии – классификации прокариотов и их идентификации (лекция 2), и принципам формирования микробной номенклатуры (лекция 3) с отдельным описанием рангов таксонов в общей таксономической иерархии.

Лекция 4 предоставляет читателям хронологический очерк об основных исторических этапах становления систематики прокариотов – морфологического, физиологического (физиолого-биохимического) и нумерического (фенетического). В предваряющих его заметках авторы обращают внимание на объекты, относящиеся к области бактериальной и молекулярной палеонтологии, активно разрабатываемой, в частности, научными школами под руководством А.Ю. Розанова (Россия) и Р. Гувера (США). В работах этих школ обсуждаются результаты, относящиеся к проблеме происхождения земной жизни и возможности ее эволюции из простейших начальных форм,

привнесенных, вероятно, метеоритами на ранних этапах развития Земли (теория панспермии).

В лекции 5 дано описание филогенетической систематики, основанной на результатах генетических исследований, с указанием основных исторических вех при переходе от использования вторичных (РНК) и третичных (белковые последовательности) семантид к более надежным и информативным филогенетическим маркерам – последовательностям ДНК генов и рибосомной (16S/18S) РНК. Особое внимание уделено технологии 16S рРНК, как наиболее значимому инструменту в геносистематике в широком эволюционном таксономическом диапазоне прокариотов, но обнаружившему, вместе с тем, серьезные ограничения на уровне их видовой идентификации. В конце лекции отмечен ряд парадоксов филогенетической системы прокариотов, одним из которых является ситуация, когда глубина фенотипической дивергенции не соответствует глубине дивергенции генной (см. выше вводную часть рецензии).

Лекция 6 посвящена изложению современных представлений о ГПГ, его значении для понимания эволюционных процессов у прокариотов с демонстрацией влияния ГПГ на филогенетические конструкции в виде суперпозиции древоподобной (наследуемые признаки) и сетевой (ГПГ) составляющих. Довольно развернутое повествование приходится на обсуждение проблем определения и интерпретации понятия вида для прокариотов. В нем констатируется их зависимость от набора используемых филогенетических инструментов и внешних условий, в которых находятся рассматриваемые прокариотные сообщества. Отсюда следует очевидная размытость границ предполагаемых видов – “дискретных центров в едином континууме генов, напоминающем бугорчатое поле” (приведенная в пособии цитата из Э. Штакебрандта), каким автору этой цитаты представляется генетическое разнообразие организмов прокариотов. Учитывая большую роль случайностей в ходе генетических процессов, следуя результатам и идеям, представленным в трудах Е.В. Кунина и его школы (ссылки на которые имеются в рецензируемой книге), можно предположить, что для более четкого и непротиворечивого определения отмеченных выше границ понадобится, вероятно, развитие подходов на основе принципов, аналогичных тем, что используются в статистической физике.

В лекции 7 представлены сведения о наиболее существенных отличиях клеточной организации про- и эукариотов в 10 пунктах, в том числе: структуре генетического (хромосомного) аппарата; дифференциации на клеточном/надклеточном (эукариоты) и субклеточном (прокариоты) уровнях; внутриклеточном строении; движении клеток;

структурных основах размножения и др. Далее излагаются основы теории симбиогенеза, объясняющей эволюционное происхождение митохондрий и пластид в эукариотах как результат симбиотического слияния их предшественников с клетками прокариотов. В завершение данной лекции отмечен ряд соображений по дискуссионному вопросу о значении эндосимбиоза как универсального механизма возникновения более широкого круга клеточных органелл и самих эукариотов. К списку обсуждаемых в этой части главы общих “корневых” структур, кодируемых в геномах про- и эукариотов, можно было бы добавить белки цитоскелета, чьи аналоги были обнаружены на рубеже веков в геномах бактерий с несферической формой.

Лекция 8 дает представление об увлекательной истории идентификации и результатах современных исследований архей (часто представленных экстремофилами, но обнаруживаемых также и в обычных биотопах), как самостоятельного домена в трихотомичном (с некоторых пор) универсальном древе жизни. Подробно рассмотрены фенотипические и генотипические особенности архей, а также проблема анцестора (прародителя) — универсального предшественника трех независимых в своем эволюционном развитии клеточных линий.

Лекции 9 и 10 посвящены принципам и методам исследования фенотипических свойств микроорганизмов, используемых для их идентификации и классификации. В том числе морфологии клеток, их цитологических характеристик; культуральных и экологических признаков; физиоло-

го-биохимических показателей; иммунохимических свойств и результатов фаготипирования микроорганизмов; подвижности клеток; широкого спектра их хемотаксономических свойств. В конце лекции 9 дано краткое описание ряда современных изданий Определителя бактерий Берджи. Хемотаксономические показатели бактерий и методы их исследований представлены отдельно в лекции 10, включая структуру пептидогликана и тейхоевых кислот; хемотип клеточной стенки; хиноны и терминальные оксидазы дыхательной цепи; состав жирных кислот; полярные липиды; состав полиаминов.

Лекцию 10 и издание в целом завершает описание основных этапов и свод правил, рекомендуемых авторами при работе с микробными изолятами с целью установления их систематического положения. В дополняющих комментариях приводятся рассуждения авторов и цитаты из ряда источников, отражающие вполне оптимистичный взгляд на будущее систематики прокариотов, с преодолением сложностей и противоречий (обсуждаемых в пособии) благодаря наблюдаемому ныне бурному научному и технологическому прогрессу в “лабораторной” и вычислительной молекулярной биологии, связанных с ними отраслях знаний. В чем рецензент готов решительно присоединиться к авторам.

Полагаю, что данное издание будет весьма полезным студентами и молодым научным сотрудникам, чья специализация соответствует областям микробиологии и биотехнологии, а также с интересом встречено специалистами в указанных областях.