

Микробная жизнь на Земле

Лорсаева Рахимат Шаххмедовна

Студент (магистр)

Чеченский государственный университет, Биолого-химический факультет, Грозный,
Россия

E-mail: rahimatlorsaeva@gmail.com

Лорсаева Р.Ш., Гельмурзаева Л.М.

ФГБОУ ВО «Чеченский государственный университет имени А.А. Кадырова»

магистранты 2 курса ОЗФО биолого-химического факультета

<mailto:rahimatlorsaeva@gmail.com>

Хотя большинство микроорганизмов слишком малы, чтобы их можно было увидеть, их важность нельзя игнорировать.

В последние годы появилось новое понимание микробного разнообразия. Достижения молекулярной биологии позволили биологам сравнивать все живые организмы друг с другом на основе высококонсервативных генов. Первоначальные исследования были сосредоточены на тех генах, которые кодируют рибонуклеиновую кислоту (РНК) рибосомы — клеточной структуры, ответственной за синтез белка во всех организмах. В частности, последовательность оснований малой субъединицы (16S) рибосомальной РНК (рРНК) использовалась для картирования взаимоотношений всех живых организмов. Филогенетическое древо демонстрирует необычайное разнообразие микроорганизмов и то, как растительный и животный царства, микробные группы также демонстрируют столь же глубокое ветвление, то есть древнее эволюционное разделение. Существует около 12 типов эубактерий (или настоящих бактерий), три типа архей (ранее называвшихся археобактериями) и несколько типов других микроорганизмов (грибов и протистов) [1, 4].

Также известно, что на Земле существует гораздо больше форм микробной жизни, чем предполагалось ранее. Действительно, большинство организмов из природных почвенных и водных сообществ еще не выращено в культуре и не охарактеризовано. Таким образом, в отличие от растений и позвоночных животных, у которых описано от 85 до 90%, по консервативным оценкам, в настоящее время известно менее 1% видов бактерий и менее 5% видов грибов. Вселенское древо жизни пока не включает последнего. Однако недавно разработанные молекулярные методы могут быть использованы для идентификации тех микроорганизмов из окружающей среды, которые невозможно культивировать. Более того, недавние достижения в культивировании микроорганизмов показывают, что многие из этих организмов можно выращивать и сравнивать с известными микроорганизмами. Микробиологи теперь могут использовать эти новые инструменты и процедуры для изучения и количественной оценки масштабов и разнообразия ранее неизвестных форм жизни, существующих на планете, последнем великом рубеже биологии на Земле [2, 3].

Источники и литература

- 1) 1. Barns SM, CF Delwiche, JD Palmer and NR Pace. 1966. Perspectives on archaeal diversity, thermophily, and monophyly from environmental rRNA sequences. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 93:93-9188. 2. Pace NR, ER Angert, EF DeLong, TM Schmidt and GS Wickham. 1993. New perspective on the natural microbial world. In Industrial Microorganisms: Basic and Applied Molecular Genetics (RH Baltz, GD Hegeman and PL Skatrud, eds). pp. 77-83. American Society for Microbiology Press, Washington, D. C. 3. Sogin ML, HG Morrison, G Hinkle and JD Silberman. 1996b. Ancestral relationships

of the major eukaryotic lineages. Microbiologia SEM 12:12-17. 4. Woese, CR. 1994. There must be a prokaryote somewhere: microbiology's search for itself. Microbiol. Rev. 58:58-1.