

КОЛОНКА РЕДАКТОРА

Применение молекулярно-биологических признаков в систематике и филогении организмов зародилось в конце 70-х годов двадцатого столетия. В это время был выбран универсальный маркер для систематических построений. Он состоит из последовательности нуклеотидов генов 18S рРНК у эукариот. Позднее методы секвенирования (определение нуклеотидной последовательности нуклеиновых кислот) и обработки материала были усовершенствованы, что позволяет получать данные в сравнительно короткие сроки. Систематика и филогения получили новый мощный инструмент для своих построений в виде «рибосомальных» и «белковых» древ, а секвенирование практически стало рутинной лаборантской работой. Можно говорить, что в биологии сформировалась новая парадигма: все многообразие форм органического мира есть отображение многообразия ДНК.

Но “this is the end of the beginning”, как говорят англичане, «это конец начала». Достаточно быстро проявились несоответствия между многими предложенными филогенетическими древами. И это связано не только с техническим несовершенством секвенса – порой различаются построения, полученные в одной и той же лаборатории. Причины этого сейчас изучаются и анализируются. Стало очевидным и другое: секвенирование дало такое море информации, которой никогда не было в биологической науке. Возникло несоответствие между знанием и пониманием. Как метко выразился академик Л.Л. Киселев, расшифровать нуклеотидную последовательность – это все равно, что читать книгу, просто произнося названия букв подряд. А найти ген, значит понять, как буквы складываются в слова. Между тем известно, значительная часть генома организмов является некодирующей. И по мере повышения уровня организации организмов накапливается все больше некодирующей ДНК. Как распознать функционально значимую часть генома? Это стало возможным благодаря методам биоинформатики.

В последние годы обозначилась еще одна серьезная проблема в молекулярно-филогенетических построениях. Вспомним профессора Казанского университета К.С. Мережковского, который впервые в 1905 г. сформулировал теорию симбиогенетического происхождения эукариотической клетки. А американка Барбара Макклиток обнаружила подвижные генетические частицы вирусного происхождения и высказала идею о симбиогенетической природе генома. Так отображает ли структура ДНК филогенетические отношения организмов в полной мере?

Все более становится очевидным, что продуктивный путь развития систематики и филогенетики – разработка схем развития организмов, совмещающих морфологические и молекулярные данные, которые стали активно разрабатываться уже с середины 90-х годов двадцатого столетия (Patterson, 1994; Margulis, 1996 и др.). И особое значение здесь также имеет биоинформатика.

Ответственный редактор
биологических выпусков
серии «Естественные науки»
Р. М. Сабиров