

ОСОБЕННОСТИ ИЗУЧЕНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ ЛИШАЙНИКА *PARMELIA SULCATA TAYLOR*

Изучение генетической структуры и популяционной динамики вида служит основой для исследования таких экологических и эволюционных процессов, как видообразование, миграция и вымирание. Эти данные критически важны, так как они позволяют разрабатывать меры по сохранению видов и выявлять популяции, нуждающиеся в мониторинге. Генетическая изменчивость как между популяциями лишайников, так и внутри них, а также возможные закономерности (например, пространственные, экологические) этой изменчивости изучены недостаточно [1]. В то же время широко распространенные виды часто остаются без внимания.

Лишайник *Parmelia sulcata* представляет собой удобную модель для подобных исследований. Его повсеместная встречаемость позволяет изучать закономерности генетической изменчивости на различных пространственных масштабах и в разных экологических условиях.

Целью настоящей работы является обзор и анализ ключевых особенностей, методов и сложностей, возникающих при изучении генетической структуры *Parmelia sulcata*.

Parmelia sulcata – это листоватый лишайник семейства Parmeliaceae. Он встречается на всех континентах, но в основном приурочен к умеренным и полярным зонам. *Parmelia sulcata* впервые был описан Томасом Тэйлором в 1836 году. Слоевище лишайника розетковидное или чаще неопределенной формы, плотно прилегающее к субстрату, до 20 см в диаметре. Лопасти 3–4 мм шириной и 5–20 мм длиной, короткие, часто налегающие краями друг на друга, на концах тупые. Верхняя сторона слоевища голубовато-серая или пепельно-серая, сетчатоморщинистая [2]. Химический состав включает такие вторичные метаболиты, как атранорин, консалациновую и салациновую кислоты [3].

Изучение генетической структуры лишайников связано с рядом особенностей, определяемых их симбиотической природой. Ключевой сложностью является необходимость дифференцированного анализа геномов симбионтов – микобиона и фотобиона, что требует применения специальных молекулярных методов и подходов. Эти особенности накладывают отпечаток на все этапы исследования: от сбора материала и выделения ДНК до интерпретации полученных генетических данных [4].

Выделение качественной ДНК из талломов лишайников, в частности из *Parmelia sulcata*, сопряжено со значительными трудностями из-за высокого содержания полисахаридов и вторичных метаболитов (лишайниковых кислот), выступающих в качестве мощных ингибиторов последующих ПЦР-реакций. Для преодоления этой проблемы в исследованиях применяется модифицированный СТАВ-метод по протоколу Cubero et al. (1999) с дополнительной очисткой полученных препаратов [5, 6].

Не менее важен выбор адекватных генетических маркеров, где необходимо оценивать преимущества и недостатки различных систем, таких как ядерные ITS-регионы, микросателлиты (SSR) или однонуклеотидный полиморфизм (SNP), с точки зрения их разрешающей способности для изучения внутривидовой изменчивости именно у данного вида.

Интерпретация данных осложняется смешанной репродуктивной стратегией *P. sulcata*, сочетающей вегетативное (соредии, изидии) и половое размножение, что приводит к формированию в популяциях сложной смеси клонов и генетически уникальных особей и требует применения специальных методов анализа для их различия. Стандартные популяционно-генетические методы, реализованные в таких программах, как STRUCTURE или Arlequin, без предварительного выявления и учёта клонов могут давать существенно искажённые оценки генетического разнообразия и уровня дифференциации между популяциями. Поэтому необходимым этапом становится применение специализированных

методов, позволяющих идентифицировать многолокусные генотипы (MLGs) и оценивать степень клonalности, например, с использованием пакета *poppr* в среде R [4, 7].

Кроме того, при планировании исследования остро встает проблема репрезентативности выборки, поскольку сбор материала должен быть стандартизирован с учетом не только географической удаленности, но и типа субстрата, высоты произрастания. *Parmelia sulcata* демонстрирует неравномерное распределение по разным породам деревьев, что связано с различиями pH, текстуры и химического состава коры [8]. Разный тип субстрата может приводить к явлению изоляции средой (isolation by environment). В этом случае особи лишайника, растущие на одном виде дерева в географически удаленных точках, могут оказаться генетически ближе друг к другу, чем к особям, растущим на другом виде дерева в той же локации. Сбор образцов без учета этого фактора рискует привести к артефакту, когда выявленная генетическая дифференциация будет отражать не исторические или географические барьеры, а предпочтения к субстрату.

Наконец, поскольку *P. sulcata* является классическим биоиндикатором, возникает методологическая задача корректного разделения влияния на генетическую структуру естественных эволюционных процессов (поток генов, дрейф) и собственно антропогенных факторов (загрязнения, фрагментации местообитаний) [9].

Таким образом, учет всего комплекса перечисленных особенностей на всех этапах работы – от сбора образцов до биоинформационического анализа – является критически важным для получения достоверных и репрезентативных результатов.

Список использованных источников

1. Lindblom, L., New evidence corroborates population differentiation in *Xanthoria parietina* / L. Lindblom, S. Ekman // The Lichenologist. – 2007. – Vol. 39, iss. 3. – P. 259–271.
2. Цуриков, А.Г. Листоватые и кустистые городские лишайники: атлас-определитель / А. Г. Цуриков, О. М. Храмченкова. – Гомель: ГГУ им. Ф. Скорины, 2009. – 123 с.
3. Tsurykau, A. The lichen genus *Parmelia* (Parmeliaceae, Ascomycota) in Belarus / A. Tsurykau, P. Bely, V. Golubkov, E. Persson, A. Thell // Herzogia. – 2019. – Vol. 32, iss. 2. – P. 375–384.
4. Werth, S. Population genetics of lichen-forming fungi – A review / S. Werth // The Lichenologist. – 2010. – Vol. 42, iss. 5. – P. 499–519.
5. Cubero, O. DNA extraction and PCR amplification method suitable for fresh, herbarium-stored, lichenized, and other fungi / O. Cubero, A. Crespo, J. Fatehi, P. Bridge // Plant Systematics and Evolution. – 1999. – Vol. 216, iss. 3–4. – P. 243–249.
6. Armaleo, D. Lichen DNA extraction and amplification: old recipes and new approaches / D. Armaleo, P. Clerc, S. May // Lichenologist. – 2019. – 51(6), – P. 511–523.
7. Arnaud-Haond, S. Genclone: a computer program to analyse genotypic data, test for clonality and describe spatial clonal organization / S. Arnaud-Haond, K. Belkhir // Molecular Ecology Notes. – 2006. – Vol. 7, № 1. – P. 15–17.
8. Жизнь растений. В 6 т. / ред.: М.М. Голлербах [и др.] – М.: Просвещение, 1974, – Т.3: Водоросли. Лишайники. – 487 с.
9. Романчук, А. Ю. Биоиндикация как метод оценки загрязнения атмосферного воздуха урбанизированных территорий (на примере города Калининграда) / А. Ю. Романчук, Г. М. Баринова, Э.А. Бикташева, И.Р. Рагулина // Успехи современного естествознания. – 2024. – № 6. – С. 34–40.