

**Эпифитные лишайники березовых лесов Дагестана: что нам о них известно и что предстоит узнать?**

Epiphytic lichens of the birch forests of Dagestan: what do we know and what is there to be learnt?

Борцов К.В., Исмаилов А.Б.

Горный ботанический сад ДФИЦ РАН, Махачкала, Россия

kostya.bortcov228@mail.ru

Березовые леса Дагестана произрастают в нескольких физико-географических районах на разновысотных уровнях и представляют собой малоизученные, но потенциально богатые эпифитами местообитания. Для них характерен специфический набор экологических условий, связанных не только с климатическими и эдафическими особенностями мест их произрастания, но и с разной степенью сукцессионных преобразований. Наиболее крупные массивы березовых лесов сосредоточены в верховьях рек Аварское и Андийское Койсу в пределах высот 1500–2600 метров. Они образуют как смешанные (в основном с сосной Коха), так и чистые березняки, образованные видами *Betula litwinowii*, *Betula verrucosa* и *Betula raddeana*. Нижняя граница распространения березняков наблюдается в сухих предгорьях (400–500 м н.у.м.), где отмечаются единичные деревья в сосново-дубовых редколесьях.

Известное разнообразие эпифитных лишайников в Дагестане составляет немногим более 350 видов. Среди них на видах берез отмечено около 200 лишайников, из которых 38 видов специфичны березе и не отмечены на других древесных породах. Эти сведения были получены в ходе локальных исследований разнообразия некоторых березняков Дагестана, но вопросы особенностей формирования эпифитного лишайникового покрова в них не изучены.

Более чем двухкилометровый диапазон высотного распространения березняков в Дагестане обуславливает контрастность условий среды их произрастания. Данные различия могут отражаться на разных аспектах и уровнях организации эпифитного лишайникового покрова. Предстоит выявить закономерности его формирования в связи с различными параметрами среды и сообществ березняков, изучая разнообразие и обилие в местообитаниях разного масштаба – на уровне сообществ, деревьев, отдельных участков стволов. Планируемые исследования будут проведены впервые в регионе и позволят более детально понять состояние и вероятностные тренды сукцессии березовых лесов Дагестана.

**Лишайник как модельный объект симбиогенетики**

Lichen as a model object of symbiogenetics

Виролайнен П.А.<sup>1,2</sup>, Панькова В.В.<sup>2</sup>, Нерезенко А.М.<sup>1</sup>, Чекунова Е.М.<sup>1</sup><sup>1</sup>Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия;<sup>2</sup>Ботанический институт им. В.Л. Комарова РАН, Санкт-Петербург, Россия

st085618@student.spbu.ru

Устойчивые межвидовые ассоциации, примером которых являются лишайники, формируются на основе функциональной интеграции геномов взаимодействующих организмов – фотобионта и микобионта, что приводит к появлению новых молекулярно-генетических механизмов регуляции.

Изучение генетики лишайников началось сравнительно недавно и представляет несомненный интерес для понимания физиологических, биохимических и генетических механизмов, регулирующих процессы интеграции, синхронизации и адаптации организмов-партнеров друг к другу и к окружающей среде. Полученные методами *in silico*, *in vivo* и *in vitro* данные позволили обнаружить гены, приобретенные предками лишайникообразующих грибов и водорослей в результате серии горизонтальных переносов, а также предположить роль этих генов в процессе лихенизации.

Тем не менее, геномы лишайников исследованы фрагментарно: степень изученности полногеномных последовательностей отдельных видов фотобионтов и микобионтов различается, а экспериментальные исследования поддерживаемых в культуре видов проводятся редко. В настоящее время не существует объекта, являющегося модельным для изучения надорганизменных генетических систем мико- и фотобионтов.

Одной из задач данного направления исследований является определение модельного объекта симбиогенетики лишайников. Наши исследования ведутся по следующим направлениям: 1) изучение методами *in silico* доступных для анализа геномов и транскриптомов водорослей и лихенизированных грибов с целью выявления структурных и функциональных особенностей генов и белков, вероятно способствующих лихенизации; 2) поиск и введение в культуру основных широко распространенных видов лишайников с целью формирования коллекции образцов, которые в будущем можно будет использовать для системного анализа лишайникового симбиоза методами *in vivo* и *in vitro*. Поиск модельного объекта и применение методов симбиогенетики для его изучения позволит углубить наши знания о генетических механизмах формирования симбиотических систем.

Работа выполнена при поддержке СПбГУ, шифр проекта 124032000041-1.