

## Streszczenie

Wysokogórska flora Azji Centralnej jest jednym z najbardziej złożonych alpejskich układów na świecie. Ten unikatowy region charakteryzuje się niezwykle bogactwem gatunkowym i znaczącym udziałem endemitów, co stanowi o jego wysokiej atrakcyjności do prowadzenia badań nad procesami ewolucyjnymi w biomie alpejskim. Wraz z postępem technologicznym i analitycznym pojawiają się nowe możliwości, które pozwalają ustalić historyczne trendy oraz przewidywać potencjalne skutki aktualnych zmian klimatycznych dla różnorodności biotycznej. Ze względu na wysokogórski charakter i geopolityczną lokalizację, roślinność pasm górskich takich jak Pamir czy Tian Szan wciąż pozostaje słabo poznana pomimo statusu globalnego hot-spotu różnorodności biotycznej. W dodatku, lepsze zrozumienie wzorców zmienności genetycznej oraz procesów kształtowania się bogactwa gatunkowego w grupach o skomplikowanej przeszłości biogeograficznej i niejasnej taksonomii wciąż stanowi wyzwanie dla współczesnej nauki. Alpejskie halofity stanowią unikatową grupę wśród roślin alpejskich, zajmując silnie zasolone nisze charakterystyczne dla wysokogórskich terenów Azji Centralnej. Ekstremofity związane z alpejskimi słonoroślami są ważną częścią różnorodności gatunkowej i ekologicznej u mannicy (Poaceae: *Puccinellia*). Ten liczący ponad 100 gatunków rodzaj traw wciąż pozostaje słabo poznany i trudny do identyfikacji grupą o szerokim rozmieszczeniu, która czeka na ustalenie jej biogeograficznej historii i czynników odpowiedzialnych za specjację. Wykorzystując narzędzia filogenetyki i ekologii molekularnej, niniejszy projekt doktorski ma na celu kompleksowe poznanie relacji ewolucyjnych u gatunków wysokogórskich z rodzaju *Puccinellia* oraz lepsze zrozumienie procesu kształtowania się różnorodności populacyjnej i gatunkowej w tej unikatowej grupie alpejskich halofitów Azji Centralnej.

Badania z zakresu genetyki populacyjnej u *Puccinellia pamirica* zostały podjęte w ramach pionierskiego przedsięwzięcia mającego na celu opracowanie wzorców przestrzennej struktury genetycznej oraz historii demograficznej dla gatunku ekstremofilnego związanego ze słonoroślami gór Azji Centralnej. Badania wykazały, że gatunek doświadczył ekspansji demograficznej w trakcie ostatniego lokalnego maksimum plejstoceniowych zlodowaceń w Pamirze, po czym zmniejszył swoją efektywną wielkość populacji w holocenie. Analizy genomiki krajobrazowej ujawniły zróżnicowanie genetyczne gatunku w jego badanym obszarze występowania, które można w dużym stopniu wyjaśnić kombinacją trzech czynników: dystansu geograficznego, fragmentacją siedlisk oraz zróżnicowaniem środowiskowym między zajmowanymi stanowiskami. Uzyskane rezultaty pozwalają po raz

pierwszy stwierdzić, w jaki sposób kształtuje się populacyjna zmienność genetyczna oraz historii demograficznej gatunku aktualnie ograniczonego do słonorośli gór Azji Centralnej. Niniejsza praca podkreśla znaczenie różnorodności środowiskowej w skali lokalnej dla dynamiki populacyjnej i możliwości dyspersyjnych dla alpejskich ekstremofitów w świetle historycznych, a także przyszłych zmian klimatycznych.

Przeprowadzone badania wykazały obecność okazów *Puccinellia* o pochodzeniu mieszańcowym pomiędzy *P. himalaica* i *P. pamirica*, które występują powszechnie na terenie wschodniego Pamiru. Jest to pierwsze molekularne potwierdzenie zjawiska międzygatunkowej hybrydyzacji u wysokogórskich przedstawicieli rodzaju *Puccinellia*. Osobniki o pochodzeniu mieszańcowym odpowiadają morfotypowi *P. vachanica* i powinny być klasyfikowane jako *P. ×vachanica*, co wyjaśnia status tego do tej pory słabo rozpoznanego taksonu. Dzięki rekonstrukcji historii populacyjnej ustalono, że gatunki krzyżowały się na wielu stanowiskach niezależnie w holocenie, co wskazuje na powszechne występowanie obu taksonów rodzicielskich w Pamirze po ostatnim globalnym maksimum zlodowaceń. Wyniki wskazują, że jeszcze kilka tysięcy lat temu *P. himalaica* mógł być gatunkiem szeroko rozprzestrzenionym w Pamirze, co stoi w kontraście z jego obecną rzadkością w tym paśmie górskim. Badania sugerują, że hybrydyzacja międzygatunkowa, a także postępujące zmiany klimatyczne są najprawdopodobniej przyczyną zanikania populacji *P. himalaica* w Pamirze. Te same czynniki mogą także negatywnie wpływać na możliwość przetrwania *P. himalaica* w całym jego obszarze występowania i stwarzać realne zagrożenie wyginięcia w naturze dla tego wysokogórskiego gatunku.

Historia ewolucyjna alpejskich przedstawicieli mannic została przedstawiona na szerokim tle przy użyciu dostępnych sekwencji *Puccinellia* z innych regionów świata oraz podplemienia Coleanthinae i jest znaczącym krokiem w kierunku całościowej rekonstrukcji filogenezy badanego rodzaju. W projekcie zintegrowano potencjał wysokoprzepustowego sekwencjonowania metodą DArTseq z sekwencjonowaniem Sangera wybranych markerów genomu chloroplastowego i regionów jądrowego rybosomalnego DNA w celu uzyskania dokładnego obrazu zmienności genetycznej u mannic i ustalenia jej znaczenia dla specjacji u tej grupy traw. Integratywne podejście oraz wykorzystanie potencjału publicznie dostępnych zasobów (GenBank) pozwoliło potwierdzić, że główne wysokogórskie taksony *Puccinellia* występujące w Azji Centralnej, wyróżniane do tej pory jedynie na podstawie drobnych cech morfologicznych, zasługują na rangę ewolucyjnie odrębnych gatunków – *P. pamirica*, *P. subspicata*, *P. tianschanica*, *P. himalaica*, *P. humilis* oraz *P. pauciramea*. Przeprowadzone

analizy genetyczne wykazały, że takson *P. hackeliana* wykazuje bardzo duże powinowactwo do szeroko rozmieszczonego kompleksu *P. distans* i najprawdopodobniej stanowi jedną z wielu jego regionalnych linii ewolucyjnych. Dzięki użyciu kombinacji różnych markerów molekularnych ustaliliśmy, że alpejskie gatunki mannic wyodrębniły się na różnych etapach historii ewolucyjnej rodzaju. Analizy wykazały, że dwa wysokogórskie gatunki, *P. pamirica* i *P. subspicata*, pojawiły się już w trakcie początkowej fazy procesu specjacji u mannic i pozostają blisko spokrewnione z wieloma arktycznymi gatunkami. Takie filogenetyczne relacje wskazują na duże znaczenie adaptacji do niskich temperatur w trakcie pierwszej fazy radiacji w rodzaju *Puccinellia* i podkreślają znaczenie oscylacji klimatycznych w plejstocenie dla specjacji i kształtowania zasięgów rozmieszczenia u mannic. Niniejszy projekt udowadnia, że tradycyjne metody badawcze mogą być z powodzeniem wspierane nowoczesnymi technikami molekularnymi, pomagając w odkrywaniu historii ewolucyjnej oraz identyfikacji mannic – jednej z kluczowych, a dotąd słabo poznanej grupy halofilnych traw wchodzącej w skład wysokogórskich zbiorowisk Azji Centralnej.

Podsumowując, niniejsza rozprawa stanowi znaczący wkład w poszerzenie wiedzy na temat zmienności morfologicznej i genetycznej oraz relacji filogenetycznych u wysokogórskich mannic i jest pierwszym tak kompleksowym podsumowaniem zagadnień ewolucyjnych dla tej grupy roślin. Przeprowadzone badania zapewniają istotny wgląd w ekologię alpejskich ekstremofitów w kontekście postępujących zmian klimatycznych i dostarczają cennych danych dla biologii konserwatorskiej w dobie antropocenu. Dzięki zastosowaniu kombinacji markerów molekularnych oraz rozmaitych technik analitycznych, niniejszy projekt badawczy podkreśla znaczenie integratywnego podejścia we współczesnych badaniach biologicznych, pozwalającego na lepsze zrozumienie procesu kształtowania się różnorodności biotycznej na Ziemi.