

Opinia promotora rozprawy doktorskiej mgr Evgeniia Baiakhmetova pt.

“Inferring hybridisation and introgression processes within *Stipa* (Poaceae) [Wnioskowanie o procesach hybrydyzacji i introgresji w obrębie *Stipa* (Poaceae)]”

Rodzaj *Stipa* obejmuje ponad 150 gatunków rodzimych dla Starego Świata, występujących głównie w ciepłych i suchych rejonach strefy umiarkowanej. Wiele ostnic jest gatunkami dominującymi w zbiorowiskach roślin stepowych, piargowych, naskalnych jak również w zbiorowiskach wysokogórskich krioofilnych półpustyń. Rodzaj ten, należy do krytycznych taksonów, którego spójność i podział taksonomiczny wciąż wymaga dokładnych badań. Ze względu na znaczną zmienność morfologiczną, wiele z jak dotąd opisanych gatunków zostało uznane za tożsame z innymi, najbardziej do nich podobnymi lub też poszczególne taksony wyróżniano w różnych rangach (od gatunku do formy). Wiele gatunków ostnic uznano za endemity z uwagi na niewielki areal jaki zajmowały. Odnotowano również, że część tych ostatnich, wąsko-zasięgowych gatunków ostnic, odznaczało się w pewnym sensie obecnością pośrednich cech morfologicznych w stosunku do innych gatunków, występujących w tym rejonie. W związku z powyższym pojawiły się wzmianki o prawdopodobnie mieszańcowym pochodzeniu tych taksonów. Nigdy jednak nie przeprowadzono dokładniejszych badań dla potwierdzenia tych hipotez. Dopiero niedawno, wraz z pojawieniem się technologii sekwencjonowania nowej generacji, stała się możliwa ponowna rewizja taksonomiczna rodzaju z wykorzystaniem technik taksonomii integratywnej. W oparciu o szczegółowe analizy makro- i mikromorfologiczne uznano, że około 30% gatunków ostnic znanych z centralnej Azji ma pochodzenie mieszańcowe, jednakże tylko jeden – *Stipa heptapotamica*, został jak dotąd zewidencjonowany jako mieszaniec przy użyciu kombinacji analiz morfologicznych i genetycznych. Warto tu zaznaczyć, że zjawisko hybrydyzacji w rodzaju *Stipa* jest bardzo istotne, ponieważ wszystkie gatunki reprezentujące ten rodzaj są wieloletnie, wytwarzają płodny pyłek a okazjonalnie także i nasiona. Wymiana pyłku pomiędzy osobnikami poszczególnych gatunków pochodzenia mieszańcowego a ich rodzicami, może wpływać na genom gatunków rodzicielskich, co w konsekwencji może doprowadzić do introgresji i erozji genetycznej jednego lub obydwójga rodziców. To interesujące zagadnienie przepływu genów pomiędzy gatunkami ostnic zostało poddane szczegółowej analizie w pracy doktorskiej mgr Evgeniia Baiakhmetova. Jego praca doktorska jest kompilacją trzech prac opublikowanych w wysoko-impaktowych czasopismach zamieszczonych na listach JCR i oparta jest na integracji analiz morfologicznych z nowoczesnymi analizami szeroko-genomowymi opartymi na sekwencjonowaniu nowej generacji. Mgr Baiakhmetov wykazał, że przepływ genów w rodzaju *Stipa* występuje zarówno pomiędzy gatunkami bardzo blisko spokrewnionymi jak również odległymi zarówno filogenetycznie i morfologicznie. Ponadto występuje ona z różną intensywnością pomiędzy poszczególnymi gatunkami i w różnych obszarach w obrębie ich zasięgu. W pracy został wykazany przepływ genów pomiędzy stosunkowo odległymi gatunkami – *S. krylovii* i *S. bungeana*, występujący na zachodnim kresie występowania obydwu gatunków, w rejonie jeziora Issyk-kul w Kirgistanie (Baiakhmetov et al. 2020). Produktem tej hybrydyzacji jest utrwalony mieszaniec *S. ×lazkovii*. Nie wykazano jednak występowania

introgresji w populacjach sześciu analizowanych w pracy gatunków występujących w tym rejonie. Natomiast bardzo intensywną wymianę genów odnotowano w obrębie blisko spokrewnionych gatunków z sekcji *Leiostipa* występujących w Centralnej Azji (Baiakhmetov et al. 2021). Zjawisko to jest wytłumaczeniem dla zaobserwowanych, dużych problemów w prawidłowej identyfikacji okazów ostnic należących do tej grupy gatunków, a w szczególności kompleksu *S. grandis*–*S. baicalensis*–*S. krylovii*. Trudności te, wynikały z faktu występowania licznych okazów mieszańcowych o cechach pośrednich w stosunku do ich gatunków rodzicielskich, co od zawsze utrudniało określenie granic gatunków i liczne niespójności w kluczach do ich identyfikacji. W związku z tym, przeprowadzone przez mgr Baiakhmetova badania, nie dość że udokumentowały zjawisko hybrydyzacji w wielu populacjach tych gatunków w obrębie ich geograficznego zasięgu, to jeszcze przyczyniły się do określenia granic morfologicznych czystych gatunków, co ma przełożenie na dużą wartość praktyczną tych badań. Przy pomocy zawansowanych analiz statystycznych, wykazano też przypadki introgresji w obrębie analizowanych gatunków. Wreszcie, poza genomem chloroplastowym, po raz pierwszy dla rodzaju *Stipa*, przedstawione zostały dane genomowe obejmujące genomy jądrowe i mitochondrialne, mające zastosowanie w badaniach filogenetycznych oraz studiowaniu przypadków hybrydyzacji w rodzaju *Stipa* (Baiakhmetov et al. 2021). W niniejszej pracy po raz pierwszy ustalony został także czas dywergencji dla 14 wybranych taksonów w obrębie rodzaju *Stipa*. Warto nadmienić, że najstarszą makroskamielinę przypisaną do ostnicowych oszacowano na 34 mln lat. Tu jednak wykazano, że szacowany wiek euroazjatyckich ostnic wynosi w przybliżeniu 4,39 (2.90–6.02) mln lat, a więc jest znacznie młodszy niż wcześniej zakładano.

Podsumowując, uważam że praca doktorska pana mgr Evgeniia Baiakhmetova przygotowana została w sposób poprawny, zgodnie z powszechnie obowiązującym przy pisaniu prac biologicznych standardem. Cechuje ją poprawność gramatyczna oraz precyzja wypowiedzi. Przedstawione są tam również bardzo jasne wnioski oraz daleko idące wytyczne do dalszych badań. Jestem przekonany o dużej wartości naukowej tej pracy doktorskiej. Wydaje mi się, że wyniki jakie uzyskał mgr Baiakhmetov zainteresują wielu biologów, a w szczególności taksonomów, ekologów (w tym także taksonomów i ekologów molekularnych) oraz florystów, którzy niejednokrotnie borykają się z podobnymi problemami nie tylko w obrębie bardzo licznej w gatunki rodziny traw, lecz także innych organizmów żywych.

Kraków, 08.03.2022 r.

prof. dr hab. Marcin Nobis