

**AUTOREFERAT PRZEDSTAWIAJĄCY OPIS DOROBKU I OSIĄGNIĘĆ NAUKOWYCH**

### Posiadane dyplomy, stopnie naukowe

---

- 07.07.1999      **Magister biologii**  
Uniwersytet w Białymstoku, Wydział Biologiczno-Chemiczny,  
Instytut Biologii  
Promotor: prof. dr hab. Emilia Brzosko  
Tytuł pracy magisterskiej: Bioróżnorodność florystyczna  
śródlądowych wysp mineralnych na przykładzie Uroczyska  
Brzeziny Kapickie
- 04.07.2006      **Doktor nauk biologicznych w zakresie biologii**  
Uniwersytet w Białymstoku, Wydział Biologiczno-Chemiczny,  
Instytut Biologii  
Promotor: prof. dr hab. Emilia Brzosko  
Tytuł rozprawy doktorskiej: Różnorodność genetyczna  
w zasięgu geograficznym a historia kolonizacji *Iris aphylla* L.

### Informacje o dotychczasowym zatrudnieniu w jednostkach naukowych

---

- 1999-2007      Uniwersytet w Białymstoku, Wydział Biologiczno-Chemiczny, Instytut  
Biologii, Zakład Botaniki, asystent
- Od 2007      Uniwersytet w Białymstoku, Wydział Biologiczno-Chemiczny, Instytut  
Biologii, Zakład Botaniki, adiunkt

**OSIĄGNIĘCIE BĘDĄCE PODSTAWĄ UBIEGANIA SIĘ O STOPIEŃ  
DOKTORA HABILITOWANEGO**

---

Jako osiągnięcie wynikające z art. 16 ust. 2 ustawy z dnia 14 marca 2003 r. o stopniach naukowych i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki (Dz. U. nr 65, poz. 595 ze zm.), wskazuję cykl czterech publikacji oryginalnych o wspólnym tytule:

**Wzorce różnorodności genetycznej roślin  
o cyrkumborealnym zasięgu geograficznym**

1. **Wróblewska A.** 2014. Genetic diversity and spatial genetic structure of *Chamaedaphne calyculata* (Ericaceae) at the western periphery in relation to its main continuous range in Eurasia. *Folia Geobotanica* 49: 193-208.

IF: 1,565, MNiSW: 25

2. **Wróblewska A.** 2013. The phylogeographical and population genetic approach to the investigation of the genetic diversity patterns in self-incompatible clonal and polyploid *Linnaea borealis* ssp. *borealis*. *Botanical Journal of the Linnean Society* 173: 64-76.

IF: 2,589, MNiSW: 30

3. **Wróblewska A.** 2013. High genetic diversity within island-like peripheral populations of *Pedicularis sceptrum-carolinum*, a species with a northern geographic distribution. *Annales Botanici Fennici* 50: 289-299.

IF: 0,657, MNiSW: 15

4. **Wróblewska A.** 2012. The role of disjunction and postglacial population expansion on phylogeographical history and genetic diversity of the circumboreal plant *Chamaedaphne calyculata*. *Biological Journal of the Linnean Society* 105: 761-775.

IF: 2,193, MNiSW: 20

## OMÓWIENIE CELU NAUKOWEGO WW. PRAC I OSIĄGNIĘTYCH WYNIKÓW

---

Zastosowanie markerów oraz coraz bardziej zaawansowanych technik molekularnych, niewątpliwie zrewolucjonizowało biogeografię. Nowoczesne podejście metodyczne pozwoliło zweryfikować i uzupełnić wiedzę dotyczącą, m in. historii ewolucyjnej gatunków, lokalizacji ich refugium oraz kierunków kolonizacji w okresach postglacjalnych. Filogeografia jako subdyscyplina biogeografii, badająca rozmieszczenie różnych linii genetycznych w zasięgu geograficznym organizmów, ale również łącząca wątki z zakresu genetyki populacji, demografii, geografii czy filogenetyki, przeżywała swój rozkwit na przełomie i w końcu XX w. Nie wszystkie grupy taksonów doczekały się jednak szczegółowego i spójnego opracowania. Należą do nich rośliny cyrkumborealne – grupa o północnym zasięgu geograficznym, występująca na około 13% obszarów półkuli północnej oraz często wykraczająca poza obszar borealny (Schultz 2005). Jednocześnie, pod względem poznania wzorców wewnątrzgatunkowej różnorodności genetycznej jest ona najslabiej zbadana w stosunku do roślin wysokogórskich oraz arktycznych (cykumpolarnych). Jest to tym bardziej zaskakujące, że stanowi ona istotny komponent w globalnej bioróżnorodności. Poznanie wzorców różnorodności genetycznej roślin cyrkumborealnych w ich zasięgu geograficznym nabiera szczególnego znaczenia w kontekście zmian klimatu i kurczenia się obecnych obszarów ich występowania, a grupę tą uważa się za jedną z najbardziej wrażliwych na zmiany klimatyczne (Alsos i in. 2012). Zmiany kształtu oraz wielkości zasięgu geograficznego mogą pociągać za sobą zmiany tych wzorców i utratę różnorodności genetycznej, a tym samym wpływać na ich potencjał ewolucyjny (Alsos i in. 2012).

Ważnym punktem w badaniach nad kształtowaniem się wzorców wewnątrzgatunkowej różnorodności genetycznej roślin o północnym zasięgu geograficznym stało się równoległe wykorzystanie różnej klasy markerów molekularnych (jądrowego, chloroplastowego lub/i mitochondrialnego DNA (Abbott i in. 2000; Holderegger i Abbott 2003; Alsos i in. 2005, Schönswetter i in. 2007; Eidesen i in. 2007; Ehrich, Alsos i Brochmann 2008; Keller i in. 2010; Westergaard i in. 2010). Takie podejście pokazało, że obraz historii ewolucyjnej gatunków jest bardziej skomplikowany, niż ten wynikający z analiz tylko jednego z tych markerów.

Prace składające się na przedstawione przeze mnie osiągnięcie naukowe, będące w myśl ustawy podstawą do ubiegania się o stopień doktora habilitowanego, dotyczą opracowania zagadnienia związanego z kształtowaniem się wzorców różnorodności genetycznej roślin cyrkumborealnych w ich zasięgu geograficznym, analizowanych równocześnie za pomocą cpDNA i nDNA oraz technik molekularnych (technika sekwencjonowania DNA metodą Sanger'a i polimorfizm długości amplifikowanych fragmentów, AFLP). Prace te należą do nielicznych, w których uwzględniono szeroki zasięg geograficzny roślin cyrkumborealnych oraz rozpatrywano czynniki, takie jak historie życiowe, właściwości biologiczne tych taksonów oraz właściwości ich populacji, które uważa się za najważniejsze w kształtowaniu różnorodności genetycznej.

Jako osiągnięcie naukowe zostały przedstawione cztery prace, w których wzorce różnorodności genetycznej trzech taksonów *Chamedaphne calyculata* (L.) Moench (chamedafne północna), *Linnaea borealis* subsp. *borealis* L. (zimoziół północny) i *Pedicularis sceptrum-carolinum* subsp. *sceptrum-carolinum* L. (gnidosz królewski) rozpatrywano w różnorodnej skali geograficznej, m. in. na poziomie populacyjnym czy grup populacji bytujących w części ciągłego zasięgu oraz na jego skraju. Takie hierarchiczne podejście pozwoliło kompleksowo opisać wzorce genetyczne roślin cyrkumborealnych. Z całą pewnością badane taksony cechuje różnorodność struktury filogeograficznej. Z jednej strony, charakter struktury filogeograficznej tej grupy, w której istnieje wyraźny wzorzec geograficznego rozmieszczenia linii genetycznych, świadczy o istniejących barierach w przepływie genów między nimi. Z drugiej strony, brak wyraźnej struktury filogeograficznej w całym zasięgu geograficznym, z dominacją tylko jednej linii genetycznej, może świadczyć o braku barier oraz możliwości wielokierunkowego przepływu genów między populacjami w obrębie taksonu. Analizy cpDNA oraz nDNA potwierdziły, podobnie jak u roślin arktyczno-alpejskich, istnienie obszarów refugialnych na obszarze Beringii oraz na terenie południowo-wschodniej Ameryki Północnej. Rzadziej w literaturze biogeograficznej roślin o północnym zasięgu geograficznym wskazywane były obszary w centralnej Azji, które w moich badaniach zostały określone jako prawdopodobne obszary refugialne. Obszar Alp, w których występują również izolowane populacje gatunków cyrkumborealnych można uznać albo za refugia *in situ* lub jedynie obszar występowania populacji reliktowych będących pozostałością po znacznie szerszym w przeszłości zasięgu geograficznym. Ze

względu na przetrwanie do dzisiejszych czasów zaledwie kilku populacji tej grupy roślin w Alpach, nie można wykluczyć obu możliwości. W badaniach zwróciłam również uwagę na to, że występowanie zarówno haplotypów unikalnych i powszechnych w populacjach izolowanych występujących na obszarze Alp, należących do jednej linii genetycznej, może świadczyć o ich niedawnej izolacji sięgającej czasów ostatniego zlodowacenia, ale jednocześnie o wzbogacaniu tych populacji o postglacjalnych imigrantów. Uzupełnienie analiz o markery AFLP uszczegółowiło historię ewolucyjną o obraz zmian mikroewolucyjnych zachodzących na poziomie taksonu. Interesujące jest, że rośliny różniące się pod względem historii życiowych, właściwości biologicznych i populacyjnych, charakteryzował wspólny wzorzec wewnątrzgatunkowej różnorodności genetycznej, np. względnie niska różnorodność genetyczna zarówno w ciągłym zasięgu geograficznym, jak i na jego skraju w izolowanych, marginalnych populacjach. Brak charakterystycznego gradientu różnorodności genetycznej zmniejszającej się od centrum zasięgu geograficznego do jego granic (hipoteza ACH, *the abundant centre hypothesis* Sagarin & Gaines 2002) nie potwierdziło ani istnienia modelu *leading-edge* uwzględnianego często w kolonizacji postglacjalnej, ani modelu marginalnych i centralnych populacji. Skutkiem powstania izolowanych populacji na skraju zasięgu była prawdopodobnie jego niedawna fragmentacja pod wpływem czynników naturalnych (zmiany w zbiorowiskach pod wpływem sukcesji naturalnej) lub antropogenicznych nasilających się w ostatnich dekadach.

Pierwsza z prac, która zainicjowała wyjaśnienie przedstawionych wyżej zagadnień, dotyczy wzorców różnorodności genetycznej *Chamaedafne* północnej, rośliny o najszerszym zasięgu geograficznym z trzech badanych taksonów, obejmującym Eurazję i Amerykę Północną (Wróblewska A., Biol. J. Linn. Soc. 2012, 105: 761-775). Druga publikacja przedstawia bardziej szczegółowy obraz zachodzących procesów mikroewolucyjnych w populacjach w części eurazjatyckiej zasięgu geograficznego (Wróblewska A., Folia Geobot. 2014, 49: 193-208). Wyraźna dysjunkcja w zasięgu geograficznym między północno-zachodnią a północno-wschodnią częścią kontynentu Ameryki Północnej, ale również odrębność filogeograficzna między tymi dwoma regionami związana była prawdopodobnie z historią formowania się i rozmieszczenia torfowisk wysokich (siedlisk specyficznych dla tego gatunku). Obszary te jeszcze 12 tys. lat temu tworzyły wąskie pasma siedlisk na obszarze Alaski oraz na południowym-zachodzie Ameryki Północnej

(Halsey i in. 2000). Na tej podstawie założyłam, że gatunek ten mógł mieć co najmniej dwa obszary refugialne (Beringia i południowo-wschodnia Ameryka Północna). Ze względu na sposób zapyłania tego gatunku (owadopylność), pyłek jest słabo zachowany w warstwach torfu, natomiast więcej informacji o historii gatunku na określonym terenie możemy uzyskać z makroszczałków. Nie są to jednak dane wystarczające, aby wskazać z całą pewnością gdzie ten gatunek mógł przetrwać i w jaki sposób nastąpiła kolonizacja obszarów po ustąpieniu lodowca zarówno w Eurazji i w Ameryce Północnej. Wyniki analiz z zastosowaniem wybranych regionów cpDNA (*trnL* (UAA), *trnL*-F), regionu ITS jak i markerów AFLP jednoznacznie dowiodły, że populacje tego gatunku należą do dwóch linii genetycznych oraz wskazały po raz pierwszy w literaturze, że historia tego gatunku jest wielowątkowa. Jedna z linii genetycznych wiąże się z populacjami na obszarze Eurazji i północnym-zachodzie Ameryki Północnej, druga z północno-wschodnią Ameryką Północną. Dowodem na to jest odrębność i unikalny charakter haplotypów stwierdzony dla każdej z linii. Ponadto, historia ewolucyjna populacji w północno-wschodniej Ameryce Północnej jest znacznie dłuższa niż w Eurazji/północno-zachodniej Ameryce Północnej, a ich pochodzenie wiąże się z ekspansją z dwóch obszarów refugialnych. Biorąc pod uwagę te dane można stwierdzić, że prawdopodobnie jedno z refugium dla tego gatunku istniało w południowo-zachodniej Ameryce Południowej, blisko granicy ostatniego zlodowacenia. Ponieważ południowa część zasięgu geograficznego chamedafne północnej pokrywa się obecnie z granicą ostatniego zlodowacenia precyzyjne wskazanie miejsc refugialnych staje się niemożliwe. Drugim prawdopodobnym refugium, z którego wywodzą się obecne populacje eurazjatyckie chamedafne północnej oraz populacje z północno-zachodniej Ameryki Północnej, mógłby być obszar Beringii, na co wskazują zarówno analizy makroszczałków chamedafne północnej datowane nawet na okres trzeciorzędu (Nikitin 2006) oraz wysoka różnorodność haplotypów w populacjach chamedafne, zlokalizowanych na tym obszarze, określona za pomocą analiz regionu ITS. Badania pokazały również, że kolonizacja obszarów Eurazji i Ameryki Północnej z dwóch refugium nastąpiła gwałtownie, ale tylko w przypadku grupy populacji z północno-wschodniej Ameryki Północnej przebiegała ona wg modelu *stepping stone*. Ekspansja tego gatunku w Ameryce Północnej zarówno z obszaru północno-zachodniej oraz południowo-wschodniej Ameryki Północnej była przyczyną powstania wąskiej strefy kontaktu między wcześniej izolowanymi geograficznie populacjami.

Analizy genetyczne pozwoliły również zweryfikować hipotezę, że izolowane populacje chamedafne północnej w Europie Środkowej, w szczególności na terenie Polski, są relikdami (Kruszelnicki 2001). Z całą pewnością populacje ze środkowej i północnej Europy jak i Azji należą do jednej linii genetycznej (cpDNA i ITS), natomiast jest to grupa wewnątrznie zróżnicowana genetycznie (markery AFLP), tzn. populacje na terenie Polski, jak również z innej części zasięgu Eurazji i północno-zachodniej Ameryki Północnej charakteryzuje obecność kilka tych samych pul genowych. Ponadto, dostępne dane paleobotaniczne, dotyczące makroszczątków tego gatunku w Europie Środkowej datuje się na okres 8500-2800 lat wstecz, a badania Latałowej (1999) na jednym z torfowisk wysokich w zachodniej Polsce wykazały, że gatunek pojawił się w tym miejscu ok. 100-150 lat temu. Biorąc pod uwagę analizy genetyczne oraz dane palinologiczne populacje chamedafne północnej występujące obecnie na tym terenie, powstały w okresie postglacjalnym i błędne jest ich określenie jako populacji reliktowych.

Ważnym wnioskiem wynikającym z obserwacji struktury filogeograficznej chamedafne północnej, ale również pozostałych roślin cyrkumborealnych, jest znaczenie potencjału dyspersyjnego gatunku oraz transportu na dłuższy dystans, mimo braku adaptacji w budowie nasion. Wielokierunkowy przepływ genów oraz znaczący stopień mieszania się pul genowych w obrębie jednej linii genetycznej, kształtuje odmienne wzorce niż u roślin cyrkumpolarnych, a bariery w postaci masywów górskich lub nawet fragmentacja siedlisk mają tutaj mniejsze znaczenie.

Zaskakującym wynikiem był również niski poziom wewnątrzgatunkowej różnorodności genetycznej chamedafne północnej zachowany w całym zasięgu geograficznym nawet w porównaniu z innymi gatunkami roślin o zasięgu północnym, w tym krzewów rozmnażających się na drodze płciowej i pomnażających się wegetatywnie. Wzorce różnorodności genetycznej tego gatunku nie wpisują się również w hipotezę kolonizacji typu *leading-edge* oraz model centralnych-marginalnych populacji, w których różnorodność genetyczna jest niższa w populacjach położonych na skraju zasięgu geograficznego na skutek różnych zjawisk, np. efektu założyciela lub efektu wąskiego gardła, w stosunku do populacji ze zwartego zasięgu geograficznego. Jednym z czynników kształtujących taki poziom różnorodności genetycznej w obrębie gatunku jest moim zdaniem niska zmienność genetyczna zachowana w populacjach tego gatunku w obu refugiach, ale również cechy historii życiowych chamedafne, w szczególności związane z



reprodukcją generatywną. Większość badanych populacji charakteryzowała się małą wielkością, sporadycznie obserwowano w nich kwitnienie i owocowanie oraz brak lub bardzo rzadko pojawiające się osobniki juwenilne. Chamedafne północna jest gatunkiem samozgodnym, zapylanym głównie przez trzmiele. Przy małej wielkości populacji i wspomnianych wcześniej cechach historii życiowych tego gatunku możliwe jest wystąpienie inbredu. Jednak biorąc pod uwagę populacje z dwóch grup filogeograficznych: Eurazja/NW Ameryka Północna oraz NE Ameryka Północna, zjawisko to wystąpiło tylko w pierwszej z nich.

Drugim taksonem, który uwzględniłam w badaniach wzorców różnorodności genetycznej był zimoziół północny (*L. borealis* subsp. *borealis*). Rozpatrując zasięg geograficzny tego gatunku w części europejskiej i azjatyckiej, wykazałam brak wyraźnej struktury filogeograficznej (obecność tylko jednej linii genetycznej, w skład której zaliczanych było sześć halotypów cpDNA). W związku z tym, można uznać ten takson za spójną jednostkę ewolucyjną, która według danych molekularnych miała krótką historię przynajmniej na obszarze europejskim. Z drugiej strony kształtowanie się różnorodności genetycznej w europejskim zasięgu geograficznym wpisuje się we wzorec północ vs. południe czyli niska vs. wysoka różnorodność haplotypowa cpDNA. Uzupełnienie analiz filogeograficznych wynikami analiz markerów AFLP wykazało, że to właśnie populacje z centralnej Azji charakteryzował najwyższy udział rzadkich alleli, wskazując je jako prawdopodobne obszary refugialne dla tego taksonu.

Brak wyraźnej struktury filogeograficznej w zasięgu eurazjatyckim zimoziół północnego ma również swoje przełożenie w kształtowaniu się struktury genetycznej w populacjach. Istnienie dwóch pul genowych u zimoziół północnego wraz ze znaczącym stopniem admiksji w większości populacji wskazuje na wielokierunkową postglacjalną kolonizację oraz brak silnych barier dla przepływu genów między populacjami. Interesującym aspektem dotyczącym struktury genetycznej populacji było odniesienie uzyskanych wyników genetycznych do biologii i historii życiowych tego gatunku, u którego występuje mechanizm samoniezgodności oraz pomnażanie wegetatywne. Porównanie uzyskanych przeze mnie wyników z badań AFLP z dwóch populacji tego taksonu w Szkocji wcześniej opisanych przez Scobie & Wilcock'a (2009), potwierdziło moje przypuszczenia, że cechy te kształtują strukturę genetyczną tych populacji. Obecność większej liczby genotypów, a tym samym morfotypów kwiatowych przyczynia się do wyższej reprodukcji generatywnej w

populacjach oraz wyższej różnorodności genetycznej. Sytuację odmienną (najniższy poziom różnorodności genetycznej w eurazjatyckim zasięgu geograficznym) obserwowałam w populacjach, w których odnotowałam zaledwie kilka genotów.

Podobnie jak w przypadku chamedafne północnej również u zimozioła północnego, badania cpDNA oraz markerów AFLP wykazały, że z całą pewnością takson ten skolonizował Europę Środkową w okresie postglacjalnym. Co je również interesujące, w ostatnich latach obserwuje się pojawianie się populacji zimozioła północnego w siedliskach wcześniej nie zajętych przez nie. Wynika z tego, że badane obecne populacje w Europie Środkowej nie powinno się klasyfikować jako reliktowe.

Ostatnim z badanych taksonów o północnym zasięgu geograficznym był gnidosz królewski *Pedicularis sceptrum-carolinum* subsp. *sceptrum-carolinum*. W tym przypadku szczegółowo została przeanalizowana struktura genetyczna czterech wyspowych populacji położonych na skraju zasięgu geograficznego w Europie Środkowej (Polska). Badania potwierdziły, podobnie jak w przypadku populacji marginalnych chamedafne północnej i zimozioła północnego, że na terenie Europy Środkowej mamy do czynienia z populacjami powstałymi w okresie postglacjalnych wędrówek, a dodatkowo osobniki w tych populacjach charakteryzują się admiksją różnych pul genowych, tych samych, które zostały zidentyfikowane w innych populacjach europejskich (dane niepublikowane). Brak unikalnych alleli oraz admiksja pul genowych w tych populacjach (tych samych pul genowych obecnych w populacjach na terenie Europy) jednoznacznie potwierdza, że nie są to populacje reliktowe. Mimo, że wyniki badań uwzględniające inne populacje tego taksonu w Europie Środkowej oraz Azji są dopiero w opracowaniu (przygotowywany jest manuskrypt), to badania tylko czterech marginalnych populacji wskazują, że wzorce różnorodności genetycznej odbiegają znacząco od wcześniej przedstawionych roślin cyrkumborealnych. Przede wszystkim, utrzymywany jest wysoki wewnątrzpopulacyjny poziom różnorodności genetycznej na skraju zasięgu geograficznego, który jest wynikiem poliploidalnego charakteru tego gatunku, dominacji rozmnażania płciowego oraz obecności mieszanego system rozrodu. Dodatkowo, niskie zróżnicowane genetyczne między tymi populacjami jest zaskakujące szczególnie w kontekście zaledwie kilkunastu populacji potwierdzonych obecnie na terenie Europy Środkowej, Zachodniej i Południowej oraz bardzo małych

ich rozmiarów (od 1 do 100 osobników) i może potwierdzać niedawną kolonizację tych obszarów.

Uzyskane przez mnie wyniki mogą być zastosowane w praktyce. Przede wszystkim, analiza wzorców różnorodności genetycznej w zasięgu geograficznym może pokazać jakimi zasobami genetycznymi charakteryzują się badane taksony, gdzie mogą znajdować się centra różnorodności genetycznej, które mogą być ważne z punktu widzenia ochrony bioróżnorodności. Wiedza dotycząca poziomu różnorodności genetycznej ma istotne znaczenie w działaniach ochronnych, szczególnie w populacjach na skraju zasięgu geograficznego w Europie Środkowej (obszar Polski) i pozwoli na zaplanowanie strategii ochrony tych taksonów. Drugi aspekt dotyczy zachowania zasobów różnorodności w odpowiedzi na zmiany klimatyczne, które można modelować w odniesieniu do przyszłości. Różne taksony mogą reagować w odmienny sposób na zmiany zasięgu geograficznego oraz zmiany te pociągają za sobą ubożenie różnorodności genetycznej badanej na poziomie podstawowych parametrów (Alsos i in. 2012). Wyniki tych analiz w dalszej kolejności można wykorzystać do badań selekcji naturalnej na poziomie genomu (w przypadku AFLP) i określić, czy istnieją tendencje tych zmian pod wpływem zmian klimatycznych.

**Podsumowanie dotychczasowego dorobku i działalności naukowej (szczegółowe zestawienie jest przedstawione w załączniku nr 4) oraz omówienie pozostałych osiągnięć naukowo-badawczych**

Moje zainteresowania związane z naukami przyrodniczymi rozwijałam już od pierwszego roku studiów na kierunku biologia w Instytucie Biologii, Uniwersytetu w Białymstoku (IB UwB). Jako członek Koła Naukowego Biologów działającego w IB UwB uczestniczyłam w latach 1994-1997 w wielu projektach badawczych krajowych i międzynarodowych dotyczących różnorodnej tematyki zarówno botanicznej, herpetologicznej jak i ornitologicznej. Od pierwszego roku studiów brałam również czynny udział w realizowanych projektach w Zakładzie Botaniki pod kierunkiem prof. E. Brzosko, zajmującej się badaniami z zakresu historii życia gatunków z rodziny Orchidaceae w Dolinie Biebrzy. W tym też zakładzie pod kierunkiem prof. E. Brzosko obroniłam pracę magisterską w 1999 roku, dotyczącą różnorodności florystycznej śródlądowych wysp mineralnych w Dolinie Biebrzy, nagrodzoną w konkursie Rady

Wojewódzkiej Federacji SNT NOT w Białymstoku za najlepszą pracę magisterską z zakresu ekologii i ochrony środowiska w 1999 r. oraz wyróżnioną przez Ministra Środowiska w konkursie "Nauka Na Rzecz Ochrony Środowiska i Przyrody" za najlepsze prace magisterskie i licencjackie przygotowane w polskich i ukraińskich szkołach wyższych w 2000 r. Po ukończeniu studiów, dalszą karierę naukową oraz zawodową, którą kontynuuje do tej pory, związałam z Zakładem Botaniki, IB, UwB i realizowanymi w nim projektami badawczymi z zakresu ekologii i biologii ewolucyjnej. W tym czasie współpracując w grupie badawczej kierowanej przez prof. E. Brzosko oraz rozwijając własny warsztat badawczy uczestniczyłam w trzech stażach krajowych (Uniwersytet im. A. Mickiewicza, Zakład Genetyki, Poznań; Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej UNESCO/PAN, Warszawa; Instytut Genetyki i Aklimatyzacji Roślin, Radzików, Błonie) oraz jednym zagranicznym (Uniwersytet Josepha Fouriera, Laboratorium Ekologii, Grenoble, Francja), które zaowocowały współpracą naukową z osobami z tych ośrodków i publikacjami, znajdującymi się, m. in. na liście filadelfijskiej. Zdobyte doświadczenie w kraju oraz za granicą, współpraca naukowa z ośrodkami w Polsce oraz za granicą w projektach badawczych, których efektem stały się publikacje naukowe, pozwoliły mi na otrzymanie stypendium naukowego w 2004 r. z przedłużeniem na 2005 r. przyznawanego przez Fundację na Rzecz Nauki Polskiej oraz pięciu nagród przyznanych przez Rektora Uniwersytetu w Białymstoku. Uzyskanie dwóch projektów finansowanych przez KBN w latach 2001-2003 (6PO4F 091 21) oraz 2003-2006 (3PO4F 009 25) pomogło mi realizować badania z zakresu kształtowania się wzorców różnorodności genetycznej i filogeografii jednego z przedstawicieli flory pontyjskiej *Iris aphylla* (kosaćca bezlistnego). Stały się one przedmiotem mojej rozprawy doktorskiej, którą obroniłam w 2006 r., której promotorem była prof. E. Brzosko.

Charakter moich zainteresowań jest wielowątkowy, dlatego po doktoracie równolegle kontynuowałam badania z pogranicza biologii ewolucyjnej, ekologii oraz genetyki populacji roślin chronionych i rzadkich, w tym głównie storczykowatych w Polsce współpracując z prof. E. Brzosko, dr I. Tałałaj, mgr B. Ostrowiecką, mgr E. Jermakowicz oraz mgr P. Mirskim (IB, UwB). Z drugiej strony realizuję tematykę związaną z analizą wzorców filogeograficznych oraz historii ewolucyjnej różnych grup roślin (dr K. Kostrakiewicz, IB, PAN), w tym taksonów o północnym zasięgu geograficznym, jak i zasięgu obejmującym obszar masywów górskich głównie Karpat

oraz problematyki taksonomicznej w rodzaju *Aconitum* (dr hab. J. Mitka, prof. UJ, Ogród Botaniczny).

Mój dotychczasowy dorobek publikacyjny obejmuje 29 pozycji (wykluczając doniesienia konferencyjne). Dwadzieścia jeden prac to artykuły zamieszczone w bazie JCR czasopismach o zasięgu międzynarodowym, takich jak *Molecular Ecology*, *Biological Journal of the Linnaean Society* oraz *Botanical Journal of the Linnaean Society*. Moje publikacje indeksowane w bazie Web of Science były dotychczas cytowane w sumie 193 razy (bez autocytacji 145 razy). Indeks Hirscha (HI) wyniósł 8 (Web of Science; 31.08.2014). Sumaryczny wskaźnik IF dla moich artykułów to 21,822. Zdecydowana większość publikacji powstała w ramach uzyskanych projektów krajowych, w których byłam kierownikiem (4 projekty: NCN, MNiSW i KBN) oraz wykonawcą (7 projektów: MNiSW i KBN). Wyniki dotychczasowych badań, których byłam głównym autorem lub współautorem, zostały prezentowane w formie dziewięciu wystąpień ustnych i osiemnastu posterowych na konferencjach i warsztatach międzynarodowych i krajowych. Zorganizowałam 4 konferencje naukowe o zasięgu ogólnopolskim. Pełniłam również obowiązki związane z organizacją nauki. W trakcie swojej pracy prowadziłam wykłady, laboratoria i konwersatoria na studiach I i II stopnia biologii i kierunku ochrona środowiska oraz dla słuchaczy studium podyplomowego z biologii, jak i w ramach programu Erasmus. Jestem promotorem pomocniczym w dwóch przewodach doktorskich, oraz byłam opiekunem naukowym dwóch prac magisterskich i piętnastu licencjackich. Prowadziłam łącznie 8 staży naukowych z zakresu metody analiz z zastosowaniem markerów molekularnych dla 4 osób z Instytutu Biologii UwB oraz 4 osób z innych ośrodków naukowych w Polsce. W ramach działalności popularyzatorskiej podjęłam się wykonania trzech ekspertyz naukowych dotyczących ochrony gatunkowej roślin i zwierząt.

W dalszej części autoreferatu przedstawię w sposób syntetyczny moje zainteresowania i osiągnięcia badawcze dzieląc je na istotne nurty tematyczne.

## Zasoby różnorodności genetycznej storczykowatych oraz ich ochrona w środkowej Europie

Jednym z pierwszych i istotnych wątków mojej pracy naukowej było zastosowanie markerów molekularnych w wyjaśnieniu wielu zagadnień w badaniach demograficznych, na które nie było do tej pory odpowiedzi stosując standardowe narzędzia z ekologii. Ponadto, ważnym aspektem badań było wskazanie jakie cechy historii życiowych są odpowiedzialne za kształtowanie się struktury genetycznej badanych populacji. Ponad 15 letnie obserwacje, prowadzone przez prof. E. Brzosko (IB, UwB) w Dolinie Biebrzy kilku gatunków storczyków (*Cypripedium calceolus*, *Epipactis helleborine*, *E. atrorubens*, *Neottia ovata*, *Platanthera bifolia*, oraz *Cephalanthera rubra*), a później zastosowanie markerów molekularnych w analizie struktury genetycznej ich populacji, dowiodły, jak ważna jest integracja badań demograficzno-genetycznych, określona jako nurt ekologii molekularnej dynamicznie rozwijającej się na przełomie XX-XXI w. Warto podkreślić, że wpisały się one na stałe w literaturę europejskich badań nad tą rzadką i niezwykle zróżnicowaną biologicznie grupą roślin, o czym świadczy powierzenie naszej grupie badawczej organizacji 6th International Orchid Workshop w 2016 r.

Opanowanie technik molekularnych związanych głównie z analizą allozymów i dalsze wykonanie analiz genetycznych w IB UwB było możliwe dzięki odbytemu stażowi w Zakładzie Genetyki UAM, kierowanym wówczas przez prof. J. Szweykowskiego. Połączenie wyników analiz genetycznych wraz z wieloletnimi danymi demograficznymi, eksperymentami określającymi potencjał systemu rozrodu oraz strategią rozsiewania nasion w izolowanych populacji o charakterze wyspowym wspomnianych gatunków storczyków z Doliny Biebrzy wykazało, że w każdej z badanych populacji różnych gatunków storczyków różnorodność genetyczna jak i genotypowa kształtuje się w odmienny sposób, i nie zawsze wpisuje się w ogólne wzorce genetyczne przedstawione dla gatunków o określonych cechach historii życia. Podsumowując, całokształt badań nad wybranymi gatunkami storczykowatych zarówno w skali lokalnej (Dolina Biebrzy), regionu (północno-wschodniej Polski) oraz kraju, najważniejszymi konkluzjami oraz istotnym naszym wkładem w rozwój badań nad tą grupą roślin jest wskazanie, że różnorodność genetyczna wewnątrz populacji jest kształtowana w znaczący sposób przez takie czynniki jak: typ reprodukcji oraz system rozrodu, charakter izolacji, wielkość populacji, ich historia postglacjalna i dyspersja nasion. Znaczenie tych czynników jest zróżnicowane w zależności od

populacji i gatunku. Podjęta współpraca z prof. Irène Till-Bottraud i dr Florence Nicole z Laboratoire d'Ecologie Alpine, Université Joseph Fourier, Grenoble we Francji w latach 2002-2003 w ramach projektu Polonium 4229.I (KBN), zaowocowała wspólną publikacją, w której obszar badań *C. calceolus* rozszerzono o populacje z Alp Francuskich oraz potwierdzono wpływ wcześniej określonych czynników na ich strukturę genetyczną.

Jednym z istotnych naszych osiągnięć stało się wykorzystanie badań demograficzno-genetycznych na rzecz ochrony tej grupy roślin w Polsce. Tym samym, wieloletnie badania naszej grupy zostały nagrodzone w 2007 r. przez Ministra Środowiska w zakresie ochrony, kształtowania i użytkowania środowiska oraz jego zasobów za zbiór prac pod wspólnym tytułem „Ekologiczne i genetyczne zróżnicowanie gatunków storczykowatych jako miara ich potencjału ewolucyjnego i podstawa działań konserwatorskich”.

Początki badań demograficznych i różnorodności genetycznej wybranych gatunków storczyków związane były przede wszystkim z populacjami z obszaru Polski. Obserwacje demograficzne i analiza struktury genetycznej tych populacji była istotna z punktu widzenia genetyki konserwatorskiej. Wyniki tych badań zostały częściowo zastosowane w działaniach ochronnych polegających na introdukcji osobników z wybranych populacji storczyków *C. calceolus* i *C. rubra* na grądziki (wyspy mineralne) w Dolinie Biebrzy (projekt CKPŚ, POIŚ.05.01.00-00-374/12, 2012-2014).

### **Wzorce demograficzne i genetyczne w populacjach gatunków z rodzaju *Iris***

Ważną rolę w mojej pracy naukowej odegrały badania dwóch gatunków kosaćców, dlatego dwa projekty badawcze związane z tym rodzajem uważam za istotne. Pierwszym z nich był projekt dotyczący analizy wzorców różnorodności genetycznej *I. aphylla* w obrębie europejskiej części zasięgu geograficznego, oraz kierunku i sposobu kolonizacji Europy. Było to pierwsze tak szczegółowe opracowanie literaturowe gatunku pontyjskiego w Europie (Wróblewska A., Plant Syst. Evol. 2008, 272: 49-65; Wróblewska A. i in., Ann. Bot. Fennici 2010, 47: 23-33).

Wykazałam, że wewnątrzgatunkowa różnorodność genetyczna *I. aphylla* kształtowała się na poziomie niższym niż u innych gatunków o podobnej biologii, co było zaskakujące w kontekście jego poliploidalności. Potwierdziłam, że różnorodność genetyczna tego gatunku kształtuje się na poziomie podobnym jak u gatunków

rzadkich lub zagrożonych wyginięciem oraz gatunków o wąskim lub regionalnym typie zasięgu geograficznego zbliżonych wielkością do zasięgu *I. aphylla*. Poszukując wzorców różnorodności genetycznej w obrębie gatunku rozpatrywałam je w różnej skali geograficznej, od pojedynczych populacji do całego zasięgu geograficznego. Wykazałam, że różnorodność genetyczna *I. aphylla* kształtowała się podobnym poziomem zarówno w populacjach z centrum jak i ze skraju zasięgu geograficznego. Wielkość populacji oraz poziom reprodukcji generatywnej nie był czynnikiem decydującym o obecnym poziomie różnorodności genetycznej. Udział alleli unikalnych dla poszczególnych regionów geobotanicznych potwierdził moje przypuszczenie, że kolonizacja badanych obszarów europejskich miała miejsce stosunkowo niedawno, prawdopodobnie w okresie młodszego dryasu lub we wczesnym holocenie, czyli okresie postglacjalnym najbardziej sprzyjającym wędrowce roślin stepowych. Na podstawie przeprowadzonych analiz mogłam założyć, że postglacjalna kolonizacja *I. aphylla* w Europie odbywała się z jednego refugium. Użycie markerów AFLP pozwoliło wskazać hipotetyczne kierunki kolonizacji tego gatunku na obszarach Europy. Pierwszy z nich kierował się z obszarów centrum zasięgu na obszary północno-wschodniej Niziny Węgierskiej. Drugi front mógł rozprzestrzenić się bezpośrednio w kierunku Słowackiego Krasu, a trzeci był związany z dyspersją na tereny północnej Europy powyżej łuku karpackiego (Wyżyna Lubelska). Z obszarów Wyżyny Lubelskiej jedna z tras kolonizacji rozciągała się w kierunku zachodnim na tereny Wyżyny Małopolskiej, a druga w kierunku północnej Europy (Dolina Biebrzy). Nie wykluczyłam również zasilania populacji położonych na północ od łuku karpackiego przez imigrantów z populacji południowoeuropejskich.

Drugi projekt o charakterze lokalnym, w którym byłam wykonawcą (KBN, 2 P04F 063 28, 2005-2007) dotyczył wcześniej omawianych zagadnień wpisujących się w badania demograficzno-genetyczne w subpopulacjach chronionego gatunku *Iris sibirica*. Różnorodność genetyczna subpopulacji tego gatunku została opisana przez nas po raz pierwszy w literaturze (Kostrakiewicz K., Wróblewska A., Ann. Bot. Fennici 2008, 45: 186-194). Wskazałyśmy, że znacząco niska zmienność genetyczna wewnątrz subpopulacji lub wręcz monoklonalny jej charakter związany jest intensywnym pomnażaniem wegetatywnym i długowiecznością pojedynczych genetów. Tym samym, nawet jeśli w populacji pojawiają się nowe osobniki, są one wynikiem wsobnego krzyżowania się. Jednak osobników pochodzących z rekrutacji



nie obserwowano w tych populacjach, jedynie na eksperymentalnych poletkach, na których została odsłonięta wierzchnia warstwa darni w roku następnym odnotowano ich znaczący udział. Badania te wskazują, że podejście do ochrony tego gatunku, a nawet introdukcji osobników właśnie z tych populacji do tworzenia innych powinno być związane z wyborem co najmniej 5 genotów, tak aby introdukowane populacje nie stały się monoklonalne. Wyniki te są o tyle interesujące, że badane subpopulacje znajdują się w centrum zasięgu geograficznego tego gatunku, co jest w sprzeczności z hipotezą centralnych-marginalnych populacji.

### **Struktura filogeograficzna innych gatunków roślin w Eurazji**

Rozszerzając zakres swoich zainteresowań związanych z filogeografią roślin o zasięgu cyrkumborealnym, uczestniczyłam w realizacji badań nad jednym z rzadkich storczyków we florze eurazjatyckiej, *Malaxis monophyllos* (wyblin jednolistny, projekt badawczy MNiSW N N304 606038, kierownik mgr E. Jermakowicz, IB UwB). Pomimo, że zasięg geograficzny tego gatunku związany jest głównie ze strefą borealną kontynentu eurazjatyckiego oraz Ameryki Północnej, nieliczne populacje tego gatunku, jako izolowane występują w Europie na obszarach górskich, w tym Karpat, Sudetów, Alp i Masywu Czeskiego oraz na wyżynach w Europie Środkowej. Status tych ostatnich jest niezwykle interesujący, bo obecne są na siedliskach wyłącznie antropogenicznych (obszar wyżyn w południowej Polsce) co jest wyjątkiem w całym zasięgu geograficznym tego gatunku. W badaniach z zastosowaniem czterech polimorficznych sekwencji cpDNA (*trnL*, *trnL-trnF*, *rps16*, *accD-psal*) w 68 eurazjatyckich populacjach wykazaliśmy, że wzorce filogeograficzne mogą odbiegać znacznie od powszechnie przedstawianych dla roślin cyrkumborealnych. Takson ten charakteryzuje się bardzo wysoką różnorodnością haplotypową (określono 19 haplotypów cpDNA). W europejskim zasięgu geograficznym zaznaczają się trzy centra różnorodności genetycznej. Pierwsze z nich związane jest z obszarem Centralnych Alp, drugie z północą, a trzecie ze wschodnią Europą. Pomimo utrzymującej się wysokiej różnorodności genetycznej brak było wyraźniej struktury filogeograficznej co uniemożliwiło odniesienie występowania określonych linii genetycznych do obszarów geograficznych, jak również wskazania, że fragmentacja zasięgu ma charakter długotrwały. Okazuje się, że w zasięgu eurazjatyckim istnienie dwóch linii genetycznych, a dokładnie rozmieszczenie haplotypów należących do nich, ma

charakter losowy, tzn. wskazujący raczej na dynamiczną, wielokierunkową postglacjalną kolonizację. Może on być spowodowany istnieniem w przeszłości dogodnych siedlisk dla tego gatunku (torfowiska lub łąki wilgotne), które obecnie ulegają degradacji pod wpływem działalności człowieka, tym samym fragmentację zasięgu geograficznego w Europie z całą pewnością można uznać za niedawną. Z punktu widzenia zasobów różnorodności genetycznej, to populacje antropogeniczne tego gatunku występujące na wyżynach Europy Środkowej spełniają ważną funkcję. Chociaż ich pochodzenie nie jest do końca wyjaśnione, to ich pojawienie się na tych terenach jest datowane na ostatnie dekady. Populacje te, ze względu na wysoki poziom haplotypowej różnorodności oraz obecność unikalnych haplotypów cpDNA mogą stać się ich rezerwuarem w dalszej kolonizacji Europy przez ten gatunek, tym bardziej, że zajmowanie siedlisk alternatywnych do naturalnych, jakimi są antropogeniczne, może się wiązać z pewnymi adaptacjami na poziomie genomu, które to będą badane w przyszłości za pomocą markerów AFLP (publikacja po pozytywnych recenzjach w Bot. J. Linn. Soc.).

Kontynuacja współpracy z dr hab. J. Mitką w ramach kierowanego przez niego projektu badawczego MNiSW (N N304 071940, 2011-2014) dotyczyła również procesów i zjawisk rozpatrywanych w kontekście bliskiej mi problematyki badawczej, a mianowicie biogeografii molekularnej. Do badań wzorców filogeograficznych, z wykorzystaniem markerów AFLP, zostały wybrane trzy gatunki związane ze zbiorowiskami grądowymi *Carpinus betulus* (grab pospolity), *Stellaria holostea* (gwiazdnica wielkokwiatowa) i *Galium schultesii* (przytulia Schultesa), a obszar tych badań został zawężony do Karpat. Badania te należą do pierwszych w Europie dotyczących kryptorefugiów flory leśnej w Karpatach i nie obejmowały dotychczas tego kluczowego obszaru. Dotychczasowe kompleksowe badania filogeograficzne w Karpatach dotyczyły wyłącznie roślin alpejskich w aspekcie ich glacialnej i postglacialnej historii w relacji do historii flory Alp. Wykazaliśmy, że w przypadku *C. betulus* trzy obszary określane jako kryptorefugia mogły znajdować się w słowackiej części Karpat Zachodnich, na Zakarpaciu oraz Podolu, co wskazuje na większą przypuszczalną ich liczbę, niż zakładały wcześniejsze hipotezy oraz duże znaczenie tych miejsc w utrzymaniu wewnątrzgatunkowej różnorodności genetycznej. Nie możemy również wykluczyć istnienia obszarów refugialnych w wewnętrznych partiach Karpat Zachodnich, a mianowicie w Pieninach, na co wskazywałaby wysoka liczba unikalnych alleli oszacowana dla populacji tego gatunku. Interesującym

wynikiem było również określenie wielokierunkowości w przepływie genów między populacjami graba bytującymi na Podolu a Bieszczadami oraz Zakarpaciem i Bieszczadami, co wskazywałoby na dwa źródła kolonizacji dla populacji bieszczadzkiej. Przypuszczamy również, że obszar Karpat na terenie Polski mógłby być miejscem krzyżowania się wielu postglacjalnych tras wędrówek tego gatunku (*melting pot*) kierujących się ku północny Europie.

W związku z tym, że projekt został zakończony w czerwcu 2014 r., przygotowana została pierwsza publikacja dotycząca struktury filogeograficznej *C. betulus* w Karpatach Północnych (obecnie w recenzjach w Quaternary Research). Analizy i przygotowanie kolejnych publikacji dotyczących *Stellaria holostea* i *Galium schultesii* są w realizacji.

### Filogeneza i taksonomia

Chociaż analizy filogenetyczne i taksonomiczne *sensu stricto* należą do rzadkości w mojej pracy naukowej to jednak zastosowanie markerów DNA oraz analiz cytogenetycznych w dwóch przypadkach, mianowicie: *I. aphylla* oraz w rodzaju *Aconitum* sect. *Aconitum* oraz sect. *Cammarum* zweryfikowały pozycje taksonomiczne badanych obiektów.

Analizy cytogenetyczne oraz z użyciem markerów AFLP w populacjach położonych na terenie Słowackiego Krasu, Wyżynie Wołyńskiej i Podolskiej oraz na Wyżynie Lubelskiej, Małopolskiej i w Dolinie Biebrzy pozwoliły mi na rozpoczęcie badań nad weryfikacją statusu taksonomicznego *I. aphylla* w różnych częściach zasięgu geograficznego (Wróblewska A. i in., Ann. Bot. Fennici 2010, 47: 23–33). Wątpliwości, które nagromadziły się w odniesieniu do podziału *I. aphylla* na niższe jednostki taksonomiczne (subsp. *hungarica* – na terenie Słowacji oraz Węgier, var. *typica*/subsp. *bohemica* – obszar Polski, Rumunii, Ukrainy i Rosji) dotyczą identyfikacji różnych taksonów wyłącznie według cech morfologicznych. Natomiast zastosowanie markerów AFLP wstępnie potwierdziło moje przypuszczenie, że wyróżnianie niższych jednostek taksonomicznych jest bezzasadne. *I. aphylla* był określany jako autotetraploid i moje badania potwierdziły jego charakter. Dodatkowo zidentyfikowałam osobniki diploidalne występujące w jednej populacji w Słowackim Krasie. Na podstawie określonych dwóch grup kariotypowych w populacjach w badanej części europejskiego zasięgu geograficznego można wnioskować, że raczej mamy do czynienia z rasami chromosomowymi oraz, że poliploidyzacja mogła

przebiegać wielokrotnie w historii tego gatunku. Geograficzne rozmieszczenie niektórych kariotypów wchodzących w skład jednej grupy może być również ściśle związane z danym regionem geograficznym lub też ograniczone występowaniem tylko do jednej populacji. Badania te wskazały również na brak zgodności między wynikami AFLP oraz analizami cytogenetycznymi w przypadku populacji z Wyżyny Podolskiej i Wołyńskiej oraz Wyżyny Lubelskiej, które potwierdzają niezależną ewolucję między poziomem DNA a poziomem chromosomów oraz sugerują, że różnicowanie się chromosomów może być niedawnym procesem.

W 2011 roku podjęłam współpracę z dr hab. J. Mitką (Ogród Botaniczny, UJ) i dr Piotrem Boroniem (Wydział Leśny, Uniwersytet Rolniczy, Kraków) dotyczącą wyjaśnienia skomplikowanych zależności filogenetycznych w rodzaju *Aconitum* sect. *Aconitum* oraz sect. *Cammarum*. Projekt badawczy, w którym uczestniczyłam odnosił się do zastosowania markerów molekularnych DNA i różnorodnych technik molekularnych zarówno sekwencjonowania (region ITS i *trnL*(UAG)–*trnL*) oraz AFLP w badań taksonomicznych. Do tej pory wyniki tych badań przedstawiono w postaci referatu (Boroń i in. 2011, PTB, Kraków) i posteru na konferencji międzynarodowej (Mitka i in. 2013, First Interdisciplinary Symposium Biogeography of the Carpathians, Kraków). Ponadto są one nadal uzupełniane o wybrane sekwencje DNA jądrowego i chloroplastowego gatunków z rodzaju *Aconitum* sect. *Aconitum*. W tym przypadku sekwencjonowanie DNA z okazów tojadów reprezentujących przedstawicieli *Aconitum* z Europy i Azji oraz 2 gatunków podrodzaju *Lycocotum* z Azji i Ameryki Północnej) pozwoliło na znaczne poszerzenie współczesnych badań nad tym rodzajem i przedstawienie pozycji taksonów europejskich na tle różnorodności całego rodzaju *Aconitum*. Do najważniejszych wyników tych badań można zaliczyć: (1) potwierdzenie odrębności diploidalnych gatunków sect. *Cammarum* i tetraploidalnych sect. *Aconitum*. Obserwowany pomiędzy tymi grupami podział przebiegał prawie zawsze zgodnie z kryterium taksonomicznej przynależności sekcyjnej. Może to oznaczać, że przodkowie tych linii zasiedlali subkontynent europejski niezależnie od siebie. Zatem konkurencyjna hipoteza zakładająca powstanie gatunków tetraploidalnych w pasmach górskich Europy Środkowej od hipotetycznej, ancestralnej formy diploidalnej, nie znalazła w świetle uzyskanych wyników potwierdzenia; (2) sformułowanie hipotezy obrazującej historię ewolucyjną *Aconitum* w Europie, w której formą wyjściową gatunków europejskich, zarówno sect. *Cammarum* jak i sect. *Aconitum*, był pochodzący z zachodniej Syberii diploidalny

gatunek leśny zbliżony do *A. pascoi*, (3) powstanie formy wyjściowej europejskich tetraploidów poprzez zjawisko specjacji rekombinacyjnej, najprawdopodobniej w wyniku allopoliploidyacji, (4) wskazanie na dalszą niezależną ewolucję linii diploidalnej i tetraploidalnej oraz (5) określenie obecności stref kontaktu w wybranych regionach Europy pomiędzy europejskimi przedstawicielami sect. *Aconitum* i *Cammarum* prowadzących do znaczącej wymiany genów, a tym samym stopniowego zacierania różnic filogenetycznych pomiędzy nimi.

Odrębne analizy dotyczące wyjaśnienia charakteru hybrydyzacji w przypadku dwóch gatunków z rodzaju *Aconitum* z sect. *Aconitum* (*A. plicatum* i *A. firmum*) w Karpatach i Sudetach były przeprowadzone z użyciem markerów AFLP. Wykorzystanie różnej klasy markerów po raz kolejny wykazało, że badania przedstawiają bardziej precyzyjny obraz z zakresu historii ewolucyjnej gatunków. W tym przypadku potwierdziliśmy, że pojawienie się *A. firmum* jest wynikiem ewolucji siateczkowej i w kontraście do wcześniejszych badań Mitki i in. (2007), zjawisko hybrydyzacji między dwoma gatunkami jest znacznie wcześniejsze, a jego pojawienie się może sięgać do trzeciorzędu. Wyniki tych badań zostały złożone w postaci publikacji do *Acta Soc. Bot. Pol.*, która jest obecnie w recenzjach.

### **Perspektywy**

Moje dalsze plany naukowe wpisują się całkowicie w realizowany obecnie przeze mnie nurt związany zarówno z badaniami z zakresu biologii ewolucyjnej, w tym wybranych taksonów storczykowatych oraz biogeografii molekularnej gatunków cyrkumborealnych. Obecnie rozpoczęty projekt NCN (2013/09/B/NZ8/03350, 2014-2017) dotyczy odpowiedzi na pytanie, które nie spotkało się ze szczegółowym opracowaniem w literaturze światowej, a mianowicie w jaki sposób realizowana jest strategia oszustwa pokarmowego u storczyków z rodzaju *Dactylorhiza* i czy jest ewolucyjnie korzystna, szczególnie w kontekście diploidalnych gatunków rodzicielskich jak i ich poliploidalnego przodka? Podejście interdyscyplinarne w rozwiązaniu tego problemu, czyli wykorzystanie eksperymentów związanych z badaniem systemu rozrodu i jego uwarunkowań, analizy genetyczne z zastosowaniem różnych markerów genetycznych, pozwoli ująć ten problem wielowątkowo i wyjaśnić mechanizmy selekcyjne zachodzące na poziomie populacji.

Drugim ważnym zagadnieniem, który zamierzam kontynuować, jest rozszerzenie badań nad gatunkami roślin cyrkumborealnych o modelowanie ich

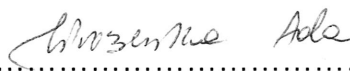
zasięgu geograficznego oraz zasobów różnorodności genetycznej w zależności od zmiennych klimatycznych. Analizy zamieszczone przeze mnie w publikacji (w przygotowaniu), która rozpatruje zmiany różnorodności genetycznej na tle zmian klimatycznych u trzech gatunków roślin cyrkumborealnych (chamedafne północna, zimoziół północny i gnidosz królewski) wskazują, że ocieplanie się klimatu, a tym samym kurczenie się i fragmentacja zasięgu geograficznego w tej grupie roślin, nie muszą przyczyniać się do zubożenia różnorodności genetycznej na poziomie populacji czy gatunku. Natomiast z całą pewnością, w przypadku roślin cyrkumborealnych mogą powodować homogenizację i dominację tylko jednej puli genowej w populacjach w zasięgu geograficznym. Do tej pory problem ten nie był poruszany w literaturze.

- Abbott RJ, Smith LS, Milne RI, Crawford RMM, Wolff K, Balfour J. 2000.** Molecular analysis of plant migration and refugia in the Arctic. *Science* 289: 1343–1346.
- Alsos I, Engelskjøn T, Gielly L, Taberlet P, Brochmann C. 2005.** Impact of ice ages on circumpolar molecular diversity: insight from an ecological key species. *Molecular Ecology* 14: 2739–2753.
- Alsos IG, Ehrich D, Thuiller W, Eidesen PB, Tribsch A, Schönswetter P, Lagaye C, Taberlet P, Brochmann C. 2012.** Genetic consequences of climate change for northern plants. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Science* 279: 2042–2051.
- Ehrich D, Alsos IG, Brochmann C. 2008.** Where did the northern peatland species survive the dry glacials? Cloudberry (*Rubus chamaemorus*) as an example. *Journal of Biogeography* 35: 801–814.
- Eidesen PB, Alsos IG, Popp M, Stensrud Ø, Brochmann C. 2007.** Nuclear versus plastid data: complex Pleistocene history of a circumpolar key species. *Molecular Ecology* 16: 3902–3925.
- Halsey LA, Vitt DH, Gignac LD. 2000.** *Sphagnum*-dominated peatlands in North America since the Last Glacial maximum: their occurrence and extent. *The Bryologist* 103: 334–352.
- Holderegger R, Abbott RJ. 2003.** Phylogeography of the Arctic-alpine *Saxifraga oppositifolia* (Saxifragaceae) and some related taxa based on cpDNA and ITS sequence variation. *American Journal of Botany* 90: 931–936.
- Keller SR, Olson MS, Silim S, Schroeder W, Tiffin P. 2010.** Genomic diversity, population structure, and migration following rapid range expansion in the Balsam Poplar, *Populus balsamifera*. *Molecular Ecology* 19: 1212–1226.
- Kruszelnicki J. 2001.** *Chamaedaphne calyculata*. W: Kaźmierczakowa R, Zarzycki K, eds. *Polish red data book*. Kraków: PAN, 283–285.
- Latałowa M. 1999.** Analiza paleoekologiczna obiektu 'Sicienko'. In: Herbich J, Herbichowa M, Latałowa M, eds. *Plan ochrony ekosystemów torfowiskowych Drawieńskiego Parku Narodowego*. Gdańsk: Stowarzyszenie Pracowni Autorskich Afix dla Drawieńskiego Parku Narodowego, 44.

- Mitka J, Bąba W, Boroń P, Ilnicki T, Sutkowska A, Wróblewska A. 2013.** Evolutionary links between the Sudetes and Western Carpathians: *Aconitum* sect. *Aconitum*. *Acta Biologica Cracoviensia* 55(1): 57.
- Nikitin VP. 2006.** Paleogene and Neogene strata in Northeastern Asia: paleocarpological background. *Russian Geology and Geophysics* 48: 675–682.
- Schönswetter P, Suda J, Popp M, Weiss-Schneeweiss H, Brochmann C. 2007.** Circumpolar phylogeography of *Juncus biglumis* (Juncaceae) inferred from AFLP fingerprints, cpDNA sequences, nuclear DNA content and chromosome numbers. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 42: 92–103.
- Scobie AR, Wilcock CC. 2009.** Limited mate availability decreases reproductive success of fragmented populations of *Linnaea borealis*, a rare, clonal self-incompatible plant. *Annals of Botany* 103: 835–846.
- Schultz J. 2005.** *The Ecozones of the World*, 2nd ed., Springer, New York.
- Sagarin RD, Gaines SD. 2002.** The 'abundant centre' distribution: to what extent is it a biogeographical rule? *Ecology Letters* 5:137–147.
- Westergaard K, Jørgensen MH, Gabrielsen TM, Alsos IG, Brochmann C. 2010.** The extreme Beringian/Atlantic disjunction in *Saxifraga rivularis* (Saxifragaceae) has formed at least twice. *Journal of Biogeography* 37: 1262–1276.

01.09.2014

Data



Podpis habilitanta