

Filogeografia i zmienność genetyczna populacji w kompleksie

Dactylorhiza incarnata/maculata (Orchidaceae) na

Pobrzeżu i Pojezierzu Południowobałtyckim

Aleksandra Magdalena Naczk

Ponad połowa gatunków opisanych w obrębie rodzaju *Dactylorhiza* należy do kompleksu *Dactylorhiza incarnata/maculata*. Zaliczamy do niego taksony zarówno diploidalne, jak i tetraploidalne. Większość krytycznych gatunków w obrębie kompleksu to taksony grupy *D. majalis* s.l., które powstały w wyniku powtarzającej się i niezależnej hybrydyzacji między dwoma szeroko zdefiniowanymi liniami rodzicielskimi: *D. incarnata* s.l. - rozpoznanej jako linia ojcowska i *D. maculata* s.l. - uważanej za linię macierzyńską.

Celem niniejszej pracy była ocena różnorodności w obrębie czterech taksonów należących do kompleksu *Dactylorhiza incarnata/maculata* (tj. *D. incarnata* var. *incarnata*, *D. maculata* ssp. *fuchsii*, *D. maculata* ssp. *maculata* i *D. majalis* s.l.), z uwzględnieniem procesów mikroewolucyjnych oraz takich zjawisk jak, plastyczność fenotypowa, migracja czy kolonizacja postglacjalna.

Przeprowadzono badania genetyczne, powiązane z analizami morfometrycznymi cech kwiatowych i wegetatywnych w wybranych populacjach z Pomorza Gdańskiego i Środkowego. Określono istniejące linie genealogiczne zarówno na Pomorzu Gdańskim i Środkowym, jak i w dodatkowych populacjach występujących w różnych częściach Pobrzeża i Pojezierza Południowobałtyckiego (tj. na Pobrzeżu Szczecińskim, Pojezierzu Myśliborskim i Pojezierzu Mazurskim). Łącznie zgromadzono 499 prób do badań nad zmiennością morfologiczną, 726 - do badań nad zmiennością genetyczną oraz 981 - do badań filogeograficznych. Zmienność genetyczną, a także jej strukturę w badanych populacjach określono za pomocą 6 jądrowych markerów mikrosatelitarnych (SSR). Wykorzystanie zaś 7 markerów mikrosatelitarnych i 3 indeli genomu plastydowego (cpDNA), umożliwiło zidentyfikowanie linii genealogicznych w badanym kompleksie na terenie północnej Polski.

Dactylorhiza incarnata/maculata tworzy złożony kompleks poliploidalny, w obrębie którego nieustannie przebiegają procesy mikroewolucyjne. Obserwowana różnorodność może wynikać z faktu, że wiele gatunków o niedawnym pochodzeniu, nie wykształciło dotychczas własnych cech dyskryminacyjnych. Wysokie prawdopodobieństwo zajścia hybrydyzacji oraz plastyczność fenotypowa również mają wpływ na morfologię osobników. Rozmieszczenie geograficzne linii genealogicznych, jak i struktura genetyczna badanych populacji jest

wypadkową wielu czynników i mechanizmów. Wymienić tu należy przede wszystkim wpływ plejstocentrycznych zlodowaceń i izolację w refugiach na południu Europy oraz procesy ewolucyjne, takie jak, dryf genetyczny, naturalna selekcja czy przepływ genów, co potwierdzają wyniki niniejszej pracy.