ABSTRACT

Previous studies found a high level of genetic structuring among the European populations of the lagoon cockle *Cerastoderma glaucum*. However, the geographic locations of the major genetic divisions differed among markers and the small number of genetic markers used lacked the power to test for gene flow between divergent clusters. Therefore, the main aim of this thesis was to assess the population structure of *C. glaucum* using new genetic markers in the light of the respective role of past divergence and habitat fragmentation. To reach these objectives, populations from the Atlantic and Mediterranean coasts have been investigated using: i) classical genetic markers (EPIC together with previously published microsatellites); ii) restriction-site associated DNA sequencing (RADseq). When the classical genetic markers revealed the divergent character of Eastern Mediterranean populations, the RADseq approach allowed inferring phylogenetic relationships with an unprecedented resolution. Three deeply divergent lineages were described within *C. glaucum*: one in the Aegean-Black Sea region, one in the Ionian Sea, and the last one widely distributed from the Western Mediterranean to the Baltic Sea. This last lineage underwent further diversification with isolated entities detected in Western Mediterranean, Atlantic, North Sea and Baltic Sea. Compared to the sister species *C. edule,* which thrives in a less fragmented habitat, *C. glaucum* displayed a much stronger genetic differentiation among populations. Consequently, it seems that genetic incompatibilities, which emerged as a by-product of geographic isolation together with local adaptation, led to the origin of a species complex. These results highlight the evolutionary role of lagoon habitats, where genetic diversification can proceed very quickly.

Key words: *Cerastoderma glaucum*, lagoons, RADseq, phylogeography, species complex, population genomics, Mediterranean Sea, Baltic Sea

STRESZCZENIE

Sercówka *Cerastoderma glaucum* (Bruguière, 1789) jest gatunkiem morskiego małża występującym wzdłuż wybrzeży wschodniego Atlantyku i mórz przyległych, od Norwegii do Morza Śródziemnego, włączając Bałtyk, Morze Północne i Morze Czarne. Zasięg występowania tego gatunku jest ograniczony do płytkich zatok, lagun i bezpływowych estuariów, gdyż nie toleruje on siedlisk o dużej dynamice wód. Analizy allozymów, mikrosatelit i sekwencji DNA mitochondrialnego wykazały istnienie istotnych różnic genetycznych pomiędzy populacjami *C. glaucum* z różnych rejonów geograficznych. Jednakże, niewielka liczba markerów genetycznych nie umożliwiła jednoznacznego odtworzenia relacji filogenetycznych, a wzorce zmienności genetycznej różniły się w zależności od typu markera. W związku z tym, głównym celem przedstawionej pracy jest dokładna charakterystyka różnorodności genetycznej i struktury genetycznej populacji sercówki *C. glaucum* z zastosowaniem nowych markerów genetycznych. W tym celu zastosowano: i) klasyczne markery genetyczne (marker EPIC wraz z wcześniej opublikowanymi markerami mikrosatelitarnymi); ii) technikę RADseq opartą na sekwencjonowaniu nowej generacji oraz analizę polimorfizmów pojedynczych nukleotydów (SNP). W niniejszej pracy zbadano 14 populacji sercówki pochodzących z różnych rejonów geograficznych (M. Bałtyckie, M. Północne, atlantyckie wybrzeża Europy, M. Śródziemne oraz M. Czarne), określono pokrewieństwo i rozmieszczenie rożnych linii genetycznych oraz podjęto próbę określenia czynników i procesów ekologicznych determinujących strukturę genetyczną. Analizy kilkunastu tysięcy pojedynczych polimorfizmów nukleotydowych (SNP) umożliwiły dokładną charakterystykę genetyczną populacji i pozwoliły poznać zależności filogenetyczne. Uzyskane wyniki wskazują, że sercówka *C. glaucum* wyewoluowała we