

Ze względu na swoje izolowane położenie geograficzne, niewielki dostęp do siedlisk lądowych i skrajne warunki ekologiczne, Antarktyda należy do najbardziej niezwykłych regionów biogeograficznych świata. Obecnie, mniej niż 0.5% powierzchni kontynentu jest wolna od pokrywy lodowej i stanowi potencjalne siedlisko dla bioty lądowej. Pomimo fascynacji wielu pokoleń badaczy, zrozumienie historii lądowej bioty tego wyjątkowego obszaru pozostaje wciąż naukowym wyzwaniem. Do niedawna, w biogeografii zdecydowanie dominowała hipoteza całkowitej ekstynkcji bioty w okresach zlodowaceń i postglacjalnej rekolonizacji z obszarów lądowych położonych na niższych szerokościach geograficznych. Wynikało to z założenia, że obszary lądowe były okresowo (ławnie z ostatnim maksimum lodowcowym Plejstocenu, ok. 20 tys. – 18 tys. lat temu) całkowicie pokryte lodem. Istotną rolę dyspersji dalekiego zasięgu – która byłaby podstawowym mechanizmem dynamicznej rekolonizacji – znajduje zdecydowane potwierdzenie w biogeografii półkuli południowej (podobnie jak i w badaniach obszarów arktycznych). Podstawowym faktem stojącym natomiast w konflikcie z powyższym scenariuszem jest stosunkowo znaczny udział w biocie lądowej Antarktydy endemitów (gatunków występujących w skali globalnej jedynie na danym obszarze) – ich ewolucja wymagała najprawdopodobniej izolacji w tym regionie w długim okresie czasu obejmującym szereg zlodowaceń. Dostępne rekonstrukcje historycznych zlodowaceń mają zbyt małą rozdzielczość, aby pozwolić na jednoznaczny weryfikację istnienia niewielkich obszarowo i stabilnie dostępnych refugium lądowych. Teoretycznie, refugia takie mogły istnieć na nunatakach (wierzchołkach gór wystających spod lodu, o stromych zboczach nie pozwalających na kumulację śniegu), klifach nadbrzeżnych, a także na peryferiach obszarów aktywnych geotermalnie. Kluczowe dla zrozumienia historii bioty Antarktydy jest zastosowanie nowoczesnych analiz filogeograficznych, które pozwalają na rekonstrukcję procesów historycznych na podstawie badań struktury genetycznej współczesnych populacji. W ostatnich latach ukazały się pierwsze analizy poświęcone głównie bezkręgowcom, których wyniki wspierają możliwość przetrwania w refugiach i taki scenariusz staje się coraz powszechniej akceptowany. Dane są jednak wciąż nieliczne i dotyczą niewielu grup organizmów. Dlatego, nasz projekt podejmuje unikatowe próby szczegółowej analizy filogeograficznej wybranych przedstawicieli lądowej flory Antarktydy. Biom antarktyczny jest wyjątkowy w skali świata m.in. ze względu na to, że na jego lądowe bioty składają się niemal wyłącznie organizmy „niezwykłe”: mikroorganizmy, porosty, mszaki, glony, bezkręgowce. Flora obejmuje zaledwie dwa rodzime gatunki roślin naczyniowych. Mszaki są tu zatem dominującą grupą roślin i badania ich poświęcone mają zasadnicze znaczenie dla zrozumienia procesów biogeograficznych i ewolucyjnych kształtujących biotę lądową tego kontynentu. Mszaki charakteryzują się doskonałym przystosowaniem do dyspersji dalekiego zasięgu dzięki lekkim zarodnikom. Z drugiej strony, znana jest ich duża tolerancja na temperatury otoczenia poniżej optimum i zdolność przetrwania żywotnych tkanek w warstwach wiecznej zmarzliny przez tysiące lat. Słabość wskazuje na potencjał do trwania in situ w niekorzystnych warunkach. Brak dotychczas prac opartych na materiale populacyjnym umożliwia najbardziej reprezentatywnym dla zasięgów geograficznych i zarazem na najbardziej aktualnych narzędziach analitycznych filogeografii. Badania spełniają te założenia w związku z tym niezwykle potrzebne, w dziedzinie pionierskie i można się spodziewać, że będą miały duże znaczenie dla biogeografii na poziomie międzynarodowym. Do zaplanowanych analiz wykorzystane zostaną niezwykle cenne zbiory zielnikowe mchów zgromadzone w Instytucie Botaniki Polskiej Akademii Nauk w Krakowie – są to zgromadzone najwspanialsze kolekcje mszaków z obszarów polarnych południowej półkuli. W badaniach zastosujemy różnorodne analizy zmienności materiału genetycznego, w którym dostępny jest zapis historycznych procesów zachodzących w populacjach badanych gatunków. Wykorzystamy m.in. najnowocześniejsze metody tzw. ‘sekwencjonowania nowej generacji’, w połączeniu z szeregiem analiz bioinformatycznych, które pozwolą na fascynujący wgląd w rekonstrukcję historii biogeograficznej badanych gatunków mszaków: ewolucji gatunków i dynamiki zmian ich zasięgów w czasie.