

Wiele czynników wpływa na zróżnicowanie genetyczne gatunków - zmiany klimatyczne i związana z tym adaptacja, zanikanie siedlisk, hybrydyzacja. Migracja organizmów po ostatnim zlodowaceniu w znacznym stopniu ukształtowała ich obecny zasięg występowania. Zagrożenia wynikające ze zmieniającego się klimatu są szczególnie niebezpieczne dla roślin o zasięgu cyrkumborealnym. Przewiduje się, że w przyszłości może zmniejszyć się ich zasięg nawet o 70%.

Przekształcenie środowiska pod wpływem zmieniającego się klimatu, a w szczególności obniżenie poziomu wód, prowadzi do zanikania różnych siedlisk i związanych z nimi organizmów, które wypierane są przez mniej wymagające gatunki. Dobrze udokumentowanym przykładem jest zanikanie lasów łągowo-olsowych w Białowieskim Parku Narodowym. Przesuszenie siedlisk prowadzi do gładowienia i zmniejszenia się bioróżnorodności runa leśnego. Wyniki monitoringu środowiskowego prowadzonego od kilkudziesięciu lat na tych terenach wskazują na dalszy wzrost liczby grabów, a w konsekwencji zmniejszenie się liczby łągów i olsów.

Innym czynnikiem kształtującym zróżnicowanie genetyczne jest hybrydyzacja czyli krzyżowanie się różnych gatunków. Hybrydyzacja jest kluczowym procesem w ewolucji roślin okrytozalążkowych (Angiospermae). Zainteresowanie hybrydyzacją ma długą, ponad 100-letnią, historię, a jej znaczenie było różnie oceniane - z jednej strony jako proces mogący prowadzić do wyginięcia gatunków (*extinction by hybridization*), a tym samym do redukcji bioróżnorodności, z drugiej do powstawania nowej zmienności fenotypowej i genotypowej, a nawet do powstawania nowych gatunków mieszańcowego pochodzenia. Ostatnie doniesienia literaturowe wskazują, że około 50% gatunków roślin wyższych jest uznawanych za niedawno powstałe poliploidy, a w dłuższej perspektywie czasu ewolucyjnego przyjmuje się, że zwielokrotnienie genomu występuje prawie we wszystkich liniach roślin wyższych, a wielokrotne rundy poliploidyzacji doprowadziły do powstawania większości współczesnych gatunków. Nie ulega wątpliwości, że hybrydyzacja leżąca u podstaw powstawania allopoliploidów była podstawowym procesem w ewolucji roślin okrytozalążkowych.

W przypadku gatunków, które mają określone wymagania siedliskowe np. gatunków błotnych, torfowych, przekształcanie takich siedlisk na skutek działania czynników antropogenicznych i globalnych zmian klimatycznych może prowadzić do wymierania gatunków lub pula genetyczna tych gatunków może zostać zachowana w nowopowstających międzygatunkowych mieszańcach. Lepiej dostosowane do zaburzonego środowiska mieszańce mogą się rozprzestrzenić wypierając jeden lub obydwa gatunki rodzicielskie. Dobrym przykładem gatunku krytycznie zagrożonego w zasięgu europejskim jest fiołek torfowy (*Viola epipsila* $2n=4x=24$). W Polsce podlega ochronie prawnej bowiem liczebność osobników drastycznie spada. Jedną z przyczyn tego zjawiska może być łatwość krzyżowania się fiołka torfowego ze spokrewnionym fiołkiem błotnym (*V. palustris* $2n=8x=48$). Mieszańce wykazują dużą żywotność i ekspansywność, co może prowadzić do wypierania okazów *V. epipsila* o typowych cechach.

Niniejszy projekt skupi się na genetycznym zróżnicowaniu kompleksu *Viola epipsila-V. palustris* z udziałem międzygatunkowej hybrydyzacji w jego szerokim cyrkumborealnym zasięgu. Nadrzędnym celem jest zbadanie różnorodności genetycznej i struktury populacji *V. epipsila* i *V. palustris* w całym zasięgu, ze szczególnym uwzględnieniem rekolonizacji polodowcowej i wpływu przepływu genów między oboma gatunkami.

W ramach projektu ustalę jaka jest frekwencja występowania *V. epipsila*, *V. palustris* oraz form mieszańcowych w całym zasięgu z wykorzystaniem markerów molekularnych (ISSR) oraz ocenę wewnątrzgatunkowe zróżnicowanie genetyczne. Mieszańcowe pochodzenie wybranych osobników zostanie potwierdzone porównaniem wielkości ich genomu z wielkością genomów gatunków rodzicielskich (różna wielkość u obu gatunków, pośrednia, wynikająca z addytywnego dodawania genomów rodzicielskich, u mieszańców) oraz frekwencją żywotnego pyłku (obniżona żywotność pyłku u mieszańców). Na podstawie analizy sekwencji niekodujących regionów plastydowego DNA (*trnH-psbA*, *trnS-trnG*, *atpI-atpH*) oszacuję liczbę haplotypów i ich zróżnicowanie oraz ustalę jakie były drogi migracji *V. epipsila*, *V. palustris* po ostatnim zlodowaceniu a także kierunek krzyżowań, czyli który z gatunków był rośliną mateczną dla mieszańców. Zaplanowane w projekcie badania na dużej próbie dostarczą ważnych informacji dla wiedzy o wpływie globalnych zmian klimatycznych na zasięgi gatunków i bioróżnorodność.