

## Rola domieszki genetycznej w ekologicznym różnicowaniu się *Anthriscus sylvestris* sensu lato, domniemanego gatunku pierścieniowego

**Zmiany niszy ekologicznej a źródła różnorodności genetycznej.** Aby gatunek mógł ewoluować, np. przystosować się do zmieniającego się środowiska albo zająć nową niszę ekologiczną, musi cechować się odpowiednią różnorodnością genetyczną, przede wszystkim obecnością korzystnych w nowym środowisku genów (alleli). Coraz więcej badań wskazuje na rolę hybrydyzacji w takiej ewolucji: stare warianty genetyczne uzyskane od innych populacji, poddane już próbie doboru naturalnego, mogą przyspieszyć adaptacyjną zmianę niszy. Naszym celem jest sprawdzenie, czy hybrydyzacja jest odpowiedzialna za ewolucyjne różnicowanie się grupy trybuli leśnej (*Anthriscus sylvestris* sensu lato). Grupa ta obejmuje kilka blisko spokrewnionych gatunków lub podgatunków roślin, które w Europie wykazują niezwykle zróżnicowanie ekologiczne. Co więcej, nasze wstępne wyniki sugerują, że grupa ta może stanowić *gatunek pierścieniowy* dookoła Morza Śródziemnego. Gatunek pierścieniowy to rzadki i interesujący przykład zaobserwowania ewolucji w działaniu: tworzy się on, kiedy dwie fale migracyjne okrążają barierę (np. morze albo góry), a po spotkaniu zachowują się względem siebie jak odrębne gatunki. Aby sprawdzić te hipotezy, zsekwencjonujemy jądrowy i chloroplastowy genom *A. sylvestris* i wykorzystamy go do przyrównania danych z tzw. *genome skimming* (płytkiego skwencjonowania następnej generacji) ok. 380 próbek roślin. Ponieważ chloroplasty są dziedziczone w linii matecznej, ich drzewo filogenetyczne pozwoli odtworzyć historię migracji oraz zidentyfikować obszary wtórnego spotkania różnych fal migracyjnych. Przepływ genów i ich rolę w różnicowaniu się oszacujemy na podstawie danych z genomów jądrowych. Próbkę roślin będą pozyskane z zielników oraz zebrane z natury, zwłaszcza z obszarów o najwyższym zróżnicowaniu morfologicznym, ekologicznym i genetycznym, oszacowanym na podstawie wstępnych wyników.

**Grupa *Anthriscus sylvestris*** należy do rodziny baldaszkowatych (Apiaceae) i w Europie obejmuje dwa gatunki: trybulę lśniącą (*A. nitida*) oraz trybulę leśną (*A. sylvestris*), która obejmuje cztery podgatunki: *sylvestris*, *alpina*, *nemorosa*, and *fumarioides*. *Anthriscus sylvestris* subsp. *sylvestris* zwykle występuje w we wtórych siedliskach niżowych, takich jak wilgotne łąki, pobocza dróg, lasy łęgowe, natomiast *A. nitida* zasiedla piętro regla dolnego w górach Europy Środkowej. *Anthriscus sylvestris* subsp. *fumarioides* bytuje na ocienionych subalpejskich piarzyskach w górach zachodniej części Półwyspu Bałkańskiego, podczas gdy podobne siedliska w Alpach, Wogezach i (prawdopodobnie) w Pirenejach są miejscem występowania *A. sylvestris* subsp. *alpina*. Tak szerokie spektrum ekologiczne grupy *A. sylvestris* – od niżu po wysokie góry i od otwartych siedlisk antropogenicznych po cieniste lasy naturalne – jest bez precedensu wśród innych gatunków baldaszkowatych w Europie. Jakże są zatem jego źródła genetyczne? Czy taksony górskie wyewoluowały dzięki doborowi działającemu na zmienność szeroko rozpowszechnionego (i prawdopodobnie różnorodnego genetycznie) niżowego podgatunku trybuli leśnej (*A. sylvestris* subsp. *sylvestris*), czy może wyewoluowały z mieszańców tego podgatunku z azjatyckim, górskim podgatunkiem – trybulą gajową (*A. sylvestris* subsp. *nemorosa*)?

**Znaczenie proponowanych badań.** Proponowane badania pozwolą ocenić, w jak dużym stopniu *ewolucyjna zmiana niszy ekologicznej jest ograniczana przez zmienność genetyczną*. Jeśli ekologiczne różnicowanie się trybuli z kompleksu *A. sylvestris* w Europie zaszło bez przepływu genów z populacji azjatyckich, to ewolucja adaptatywna najpewniej była ograniczona (lub napędzana) przez brak (lub dostępność) siedlisk i nisz w trakcie polodowcowej kolonizacji Europy. Jeśli natomiast to różnicowanie się zaszło dzięki znaczącej domieszce genów ze starszej filogenetycznie linii azjatyckiej, to ewolucja adaptatywna była wcześniej ograniczona przez ówczesną, niewystarczającą zmienność genetyczną.