

Procesy ewolucyjne kształtujące zmienność genetyczną kompleksu dębowego w rezerwacie „Bielinek” nad Odrą

Katarzyna Meyza

Promotor pracy: dr hab. Igor Jerzy Chybicki, prof. UKW

Wszystkie gatunki roślin, zwierząt i mikroorganizmów występujące na Ziemi, a także ekosystemy i procesy ekologiczne, w których te organizmy żyją i których są częścią określa się mianem bioróżnorodności. Jej fundamentalnym komponentem jest różnorodność genetyczna, będąca jednocześnie podstawą trwałości gatunków i stabilności ekosystemów. W badaniach dotyczących ekologii i ewolucji różnorodność genetyczna jest definiowana i mierzona na różne sposoby, z których każdy charakteryzuje nieco inny aspekt zmienności genetycznej. Zachowanie wysokiego poziomu zmienności genetycznej umożliwia adaptację do zmieniających się warunków środowiska i klimatu. Zmienność genetyczna kształtowana jest przez różne procesy ewolucyjne, dlatego też poznanie mechanizmów warunkujących zmienność przede wszystkim wzbogaca naszą wiedzę odnośnie biologii i historii ewolucyjnej gatunków. Wiedza ta ma również znaczenie praktyczne, szczególnie w odniesieniu do problemów związanych z gatunkami zagrożonymi, dla których tworzy się programy ochrony i restytucji.

W niniejszej pracy przeprowadzono szczegółowe badania dotyczące procesów (mikro) ewolucyjnych zachodzących w ramach kompleksu dębowego w rezerwacie „Bielinek” nad Odrą. Określono skalę zmienności genetycznej i przestrzennej struktury genetycznej na poziomie międzygatunkowym i międzypokoleniowym. Szczególną uwagę poświęcono statusowi gatunkowemu i historii demograficznej populacji dębu omszonego w badanym rezerwacie. Szczegółowej ocenie poddano system kojarzenia, efektywne rozprzestrzenianie się genów a także sukces reprodukcyjny. Określono rolę dryfu genetycznego oraz hybrydyzacji i introgresji, jako mechanizmów kształtujących zmienność genetyczną i morfologiczną badanej populacji, ponieważ zachowanie różnorodności biologicznej tej unikalnej kserotermicznej dąbrowy z dębem omszonym stanowi priorytet dla ochrony całego siedliska.

Wyniki badań wskazują na naturalne pochodzenie populacji dębu omszonego w „Bielinku”. Gatunek ten cechuje odrębność genetyczna względem rodzimych dębów, a analizy rodzicielstwa potwierdziły, że w rezerwacie dominuje kojarzenie wewnątrzgatunkowe. Największy sukces reprodukcyjny w rezerwacie „Bielinek”, zarówno

męski jak i żeński osiągnął *Q. pubescens*, a efektywność rozrodcza pozostałych gatunków dębów w tworzeniu pokolenia potomnego była zdecydowanie mniejsza. Odnotowano także przypadki hybrydyzacji międzygatunkowej, głównie z udziałem *Q. pubescens* i *Q. petraea* oraz kojarzeń wstecznych. Analizy poziomu hybrydyzacji i introgresji w rezerwacie „Bielinek”, wykorzystujące dane o rodzicielstwie siewek oraz informacje o wartościach prawdopodobieństwa przynależności do gatunku przypisanych rodziców potwierdziły, że *Q. pubescens* jest najbardziej efektywnym dawcą nasion, podczas gdy rodzime dęby sporadycznie regenerują się w ramach powierzchni badawczej. Ponadto wykazano, że zarówno *Q. pubescens* jak i *Q. robur* preferują kojarzenie wewnątrzgatunkowe i są w znacznej mierze zapylane pyłkiem tego samego gatunku. Wydaje się zatem, że *Q. pubescens* w „Bielinku” nie jest zagrożony introgresją ze strony rodzimych dębów. Wręcz przeciwnie, wyniki sugerują silną introgresję *Q. pubescens* skierowaną w stronę *Q. petraea*, u którego efektywna pula gamet pyłkowych stanowiła mieszaninę pyłku *Q. petraea* i *Q. pubescens* z niewielką domieszką pyłku *Q. robur*. Niemniej jednak, ze względu na izolację *Q. pubescens* w „Bielinku” i brak dopływu genów z populacji centralnej wraz z upływem czasu może nastąpić erozja zasobów genowych i wzrost wsobności u tego gatunku. Pomimo niewielkiej efektywnej wielkości populacji *Q. pubescens* oraz ograniczonej dyspersji pyłku i nasion na terenie badanego rezerwatu, skutkującej silną przestrzenną strukturą genetyczną, nie stwierdzono by dąb omszony w „Bielinku” charakteryzował się podwyższonym poziomem wsobności. Nie odnotowano też przypadków samozapłodnienia. Jednakże, w porównaniu rodzimymi dębami, polimorfizm *Q. pubescens* kształtował się na niższym poziomie. Obserwowany niski poziom zmienności genetycznej *Q. pubescens* może być wynikiem działania dryfu genetycznego i efektu *bottleneck*. Testy „wąskiego gardła” wykazały historyczny *bottleneck* w rezerwacie, natomiast w ostatnim czasie populacja z „Bielinka” nie doświadczała gwałtownej redukcji liczebności i pozostaje stabilna w tym zakresie. Biorąc pod uwagę prognozowane zmiany klimatu, na podstawie uzyskanych wyników można przypuszczać, że dąb omszony w rezerwacie „Bielinek” nie tylko utrzyma dotychczasowy poziom integralności gatunkowej, ale także stanie się bardziej powszechnym gatunkiem.

Małgorzata Kokotowska

Abstract

Evolutionary processes shaping the genetic variability of the oak complex in the reserve "Bielinek" on the Oder River

Katarzyna Meyza

Under the supervision of Dr. Igor J. Chybicki, Prof. UKW

All species of plants, animals, and microorganisms found on Earth, as well as the ecosystems and ecological processes in which these organisms live and of which they are a part, are referred to as " biodiversity ". Its fundamental component is genetic diversity, serving as the base for species' longevity and ecosystems' stability. In studies of ecology and evolution, genetic diversity is defined and measured in various ways, each characterizing a slightly different aspect of genetic variability. Maintenance of a high level of genetic variability enables adaptation to changing environmental and climatic conditions. Genetic variability is shaped by a number of evolutionary processes, so learning about the mechanisms that determine variability enriches our knowledge regarding the biology and evolutionary history of species. Such knowledge is also of practical significance, especially in regard to problems related to endangered species, for which conservation and restoration programs are created.

In this study, a detailed investigation of the (micro-) evolutionary processes acting in an oak complex in the "Bielinek" reserve on the Oder River was carried out. The scale of genetic variability and spatial genetic structure at the interspecies and inter-generational levels was determined. Special attention was paid to the species status and demographic history of the downy oak population in the studied reserve. The mating system, effective gene dispersal, and reproductive success were evaluated in detail. The study also focused on the role of genetic drift, as well as hybridization and introgression, as mechanisms shaping the genetic and morphological variability of the population. Preserving the biodiversity of this unique xerothermic population with downy oak is a priority for the conservation of the entire habitat.

The results of the study indicate the natural origin of the downy oak population in "Bielinek" reserve. This species is characterized by genetic distinctiveness in relation to native oaks, and analyses of parentage confirmed that intraspecific mating dominates in the reserve. The greatest reproductive success in the "Bielinek" reserve, both male and female, was achieved by *Q. pubescens*, while the reproductive efficiency of the other oak species in creating an

offspring generation was significantly lower. There were also cases of interspecific hybridization, mainly involving *Q. pubescens* and *Q. petraea*, as well as back-crosses. Analyses of the level of hybridization and introgression in the "Bielinek" reserve, based on a model using seedling genealogy, and information on probability values of species association, confirmed that *Q. pubescens* is the most effective seed donor, while native oaks sporadically regenerate within the study plot. In addition, it has been shown that both *Q. pubescens* and *Q. robur* prefer intraspecific mating, and are largely pollinated by pollen from the same species. Thus, it seems that *Q. pubescens* in "Bielinek" is not threatened by introgression from native oaks. On the contrary, the results suggest strong introgression from *Q. pubescens* towards *Q. petraea*, whose effective gene pool was a mixture of the gene pool of *Q. petraea* and *Q. pubescens*, with a small admixture of the gene pool of *Q. robur*. Nevertheless, due to the isolation of *Q. pubescens* in "Bielinek", and the lack of gene flow from the central population, future gene pool erosion and increased inbreeding may occur in this species. Despite the small effective population size of *Q. pubescens*, and the limited pollen and seed dispersal within the study area, resulting in a strong spatial genetic structure, the downy oak in "Bielinek" was not found to reveal increased inbreeding, and no cases of self-fertilization were recorded. However, compared to native oaks, the polymorphism of *Q. pubescens* was at a lower level. The observed low level of genetic diversity in *Q. pubescens* may be a result of genetic drift and the bottleneck effect. Bottleneck tests showed a historical bottleneck in the reserve, while recently the population from "Bielinek" has not experienced a significant reduction in size, and remains stable in this regard. Taking into account predicted climate change, the results suggest that the downy oak in the "Bielinek" reserve will not only maintain its current level of diversity and species integrity, but also it may become a more common species in the study area.

Małgorzata Kotaryna