

## Wybrane zagadnienia z biologii i genetyki populacji *Eryngium maritimum* L. w rejonie bałtyckim

Sulisława Borzyszkowska

Celem niniejszej pracy było zbadanie zmienności i zróżnicowania genetycznego oraz klonalności mikołajka nadmorskiego *Eryngium maritimum*, w rejonie Morza Bałtyckiego, który jest północnym końcem jego zasięgu.

W wyniku przeprowadzonych badań z wykorzystaniem techniki polimorfizmu długości amplifikowanych fragmentów (AFLP, ang. Amplified Fragment Length Polymorphism) spośród 471 analizowanych prób pochodzących z 42 bałtyckich populacji lokalnych, około 30% zostało zidentyfikowanych jako osobniki genetyczne (genety). Ustalono, że populacje lokalne charakteryzują niskie wartości współczynników określających zmienność klonalną. Oznacza to, że składają się one z niewielkiej liczby genotów lub w skrajnych przypadkach stwierdzono ich monoklonalność.

Ważnym wynikiem niniejszej pracy było rozpoznanie na badanym terenie dwóch głównych grup genetycznych mikołajka nadmorskiego *E. maritimum*. Jedna z nich jest reprezentowana przez genety w każdej z analizowanych populacji lokalnych. Osobniki genetyczne przypisane do drugiej grupy występują jedynie na wschód od Przekopu Wisły. Różnica w zmienności genetycznej w obu częściach regionu, rozdzielonego przez masy wody wypływające z Wisły, nie jest wysoka. Jej utrata, spowodowana fragmentacją siedlisk oraz dryfem genetycznym, przypuszczalnie jest znacząco spowolniona przez możliwość rozmnażania wegetatywnego. Wzrost klonalny zmniejsza ryzyko wyginięcia poszczególnych genotów składających się z wielu ramet. Natomiast niewielkie zróżnicowanie genetyczne pomiędzy populacjami lokalnymi wydaje się być wynikiem historycznej kolonizacji przez ograniczoną liczbę osobników o niskiej zmienności genetycznej.

Wyniki analiz opartych na próbach pobranych z wszystkich ramet z powierzchni 80 m<sup>2</sup> w ośmiu wybranych lokalizacjach dowodzą dominacji pojedynczych klonów mikołajka nadmorskiego *E. maritimum* na badanych fragmentach stanowisk. Dowiedziono również, że ramety jednego genetu mogą występować w odległości do kilkunastu metrów od siebie, czyli kilkakrotnie dalej niż dotychczas uważano.

W oparciu o otrzymane wyniki, zasugerowano szereg wskazówek, które mogą okazać się cenne dla ochrony zasobów genetycznych badanego gatunku.