

## Galin Gospodinov

### Taksonomiczne i genetyczne badania sekcji *Ricciella* z rodzaju *Riccia* w Europie ze szczególnym uwzględnieniem *R. fluitans* i *R. rhenana*

#### Streszczenie

Taksonomia dostarcza systematycznych ram do klasyfikacji organizmów żywych, które są nieustannie udoskonalane, aby uwzględniać różnorodność i dynamikę życia. Gatunek, jako podstawowa jednostka klasyfikacji taksonomicznej, historycznie definiowano na podstawie cech morfologicznych, cech ekologicznych i rozmieszczenia geograficznego. W erze pregenetycznej badacze gromadzili okazy, dokumentowali ich morfologię, ekologię i rozmieszczenie oraz publikowali szczegółowe opisy gatunków. Po opublikowaniu i dostosowaniu do zasad odpowiedniego Międzynarodowego Kodeksu Nomenklatury, gatunek był formalnie uznawany. Społeczność naukowa mogła jednak odrzucić proponowany gatunek lub dla tego samego organizmu w różnych regionach mogły pojawić się różne nazwy gatunkowe, co odzwierciedlało dynamiczny i iteracyjny charakter taksonomii. Postępy w badaniach genetycznych znacząco wpłynęły na rozwój taksonomii, umożliwiając precyzyjniejsze rozgraniczenie gatunków oraz wspierając ciągłe doskonalenie systemów klasyfikacyjnych. W ujęciu uproszczonym, współczesna taksonomia stanowi systematyczne ramy klasyfikacyjne, łączące dane morfologiczne i genetyczne w celu precyzyjnego porządkowania różnorodności biologicznej. Ponieważ ranga gatunkowa stanowi podstawę całej nauki taksonomicznej, procesy specjacji i ich zrozumienie odgrywają fundamentalną rolę w rozwoju taksonomii. Hybrydyzacja stanowi kluczowy mechanizm specjacji, prowadzący do powstania mieszańców w wyniku rozmnażania płciowego między osobnikami należącymi do różnych gatunków. Struktura genetyczna takich mieszańców zależy od gatunków rodzicielskich, co może skutkować hybrydyzacją homoploidalną, gdy mieszańiec zachowuje tę samą liczbę chromosomów co rodzice, lub hybrydyzacją poliploidalną, gdy mieszańiec dziedziczy połączone zestawy chromosomów obojga rodziców, tworząc poliploid. Poliploidia może również powstawać w wyniku mechanizmów innych niż hybrydyzacja, takich jak podwojenie somatyczne, aposporia lub apogamia. Poliploidia dzieli się na autopoloidy, gdy duplikacja chromosomów zachodzi w obrębie jednego gatunku, oraz na allopoloidy, gdy powstają w wyniku hybrydyzacji międzygatunkowej. Procesy te są szczególnie istotne dla specjacji w sekcji *Ricciella* z rodzaju *Riccia*, gdzie różnorodność genetyczna i prostota morfologiczna potęgują złożoność taksonomiczną.

Głównym celem niniejszej pracy było określenie pokrewieństwa genetycznego między *R. fluitans* a *R. rhenana*. W tym celu objęto analizą całą sekcję *Ricciella*. Przeanalizowano najważniejsze prace dotyczące tego rodzaju i dokonano niezbędnych wyjaśnień taksonomicznych. Omówiono ważne aspekty biologiczne i zidentyfikowano nowe cechy charakterystyczne dla danego gatunku. W przeprowadzonych badaniach przeanalizowano rozmiary genomów, liczbę chromosomów, dane izoenzy matyczne oraz sekwencje barkodowe DNA. Wyniki uzyskane w trakcie mojej pracy zdecydowanie potwierdzają hybrydowe pochodzenie *R. rhenana*, a tym samym jej pozycję taksonomiczną jako odrębnego gatunku, a nie jako cytotypu *R. fluitans*. Udowodniłem również istniejącą już hipotezę, że *R. fluitans* jest kompleksem blisko spokrewnionych gatunków kryptycznych. Na podstawie uzyskanych wstępnych wyników, sekcja *Ricciella* nie tworzy monofiletycznego kladu w obrębie podrodzaju *Ricciella*. Obecny skład gatunkowy sekcji nie został tutaj potwierdzony. Możliwa rearanżacja sekcji mogłaby wyglądać następująco: sekcja *Ricciella* obejmuje gatunki wodne *R. fluitans*, *R. rhenana*, *R. stricta*, *R. stenophylla* oraz gatunki kryptyczne do nich należące, w tym różne mieszańce, w obrębie kompleksu *R. rhenana*. Należy utworzyć osobną sekcję dla grupy *R. canaliculata*, obejmującej również *R. perennis*, *R. duplex* i potencjalne inne gatunki mieszańcowe. Nadal nie jest jasne, czy *R. huebeneriana* i *R. multifida* powinny być włączone razem do grupy *Canaliculata*. Na obecnym etapie wiedzy na temat rodzaju nie jest możliwe dokonanie ostatecznych reorganizacji taksonomicznych. Dane i interpretacje dotyczące sekcji *Ricciella* przedstawione w niniejszej pracy posłużą jako podstawa do dalszych badań.