

I. Abstract

The understanding of processes that shape genetic diversity of species is crucial in research focused on their evolutionary history and adaptive capabilities of populations in the face of ongoing climate change. Recent developments in analytical methods and fast growing genomic resources facilitate population genetics and genomics studies in non-model plant species. This is especially true for ecologically and economically important forest tree species, which still lack proper assessment of their evolutionary history. Peat bog pine (*Pinus uliginosa* N.) is one of the most intriguing among all native Polish pines. Interestingly, the taxonomic position of this species is not fully resolved yet, and due to the similarities of some morphological and genetic traits, it is often grouped with dwarf mountain pine (*Pinus mugo*) and mountain pine (*Pinus uncinata*) into so-called *Pinus mugo* species complex. The current geographic range of peat bog pine is restricted to a few well-known, isolated stands in Poland, Czech Republic, Germany, and Ukraine. Destruction of its primary habitat by drying out of the bog areas is currently accelerated by climatic changes, which poses a severe threat of its extinction.

Major goal of my doctoral dissertation was to assess the structure and level of genetic variation of *P. uliginosa* populations and gain better knowledge about the processes involved in shaping its genetic structure. This knowledge can greatly aid the development of proper conservation management strategies for this pine. Furthermore, it was important to resolve the complex taxonomy of *P. uliginosa* within a closely related group of pines, especially in light of an earlier hypothesis regarding the hybrid origin of peat bog pine. In my research, I utilized polymorphism data from nuclear, plastid, and mitochondrial genomes obtained from several populations of peat bog pine, as well as reference populations of its close relatives. By analyzing genetic data with the use of population genetic and biological modeling methods, I was able to: assess the influence of geographic isolation on the contemporary genetic structure of peat bog pine; understand the relationship between demographic changes and the level of genetic variation in *P. uliginosa*; understand the speciation model of pines within the *P. mugo* complex. Moreover, I developed novel genetic markers in mitochondrial genome, that is inherited in pines in maternal line and distributed by seeds at relatively short geographical areas, that are especially valuable and useful in phylogeographical studies of related pines. Using the markers I formulated guidelines for better management of genetic resources of this endangered species. The results of my PhD thesis broaden current understanding of the demographic and evolutionary process underlying levels of genetic variation in *Pinus* species, establishing the groundwork for development of proper conservation management strategies for these species in face of ongoing climate change.

II. Streszczenie

Poznanie procesów kształtujących zmienność genetyczną gatunku jest istotne dla zrozumienia jego przeszłości ewolucyjnej a także możliwości adaptacji populacji w obliczu postępujących zmian środowiskowych. Rozwój metod analitycznych i wzrastające zasoby genomowe pozwalają na badania z zakresu genetyki i genomiki populacyjnej u nie-modelowych gatunków roślin, w tym ważnych ekologicznie gatunków drzew leśnych, o wciąż słabo poznanej historii ewolucyjnej. Sosna błotna (*Pinus uliginosa* N.) jest najbardziej intrygującym spośród czterech rodzimych gatunków sosen w Polsce. Pozycja taksonomiczna tego gatunku nadal pozostaje w pełni nierozstrzygnięta. Z uwagi na liczne podobieństwa morfologiczne i genetyczne, wraz kosodrzewiną (*Pinus mugo*) i sosną hakowatą (*Pinus uncinata*) włączana jest najczęściej w obręb tzw. kompleksu gatunków *Pinus mugo*. Aktualnie jej zasięg ograniczony jest do kilku izolowanych stanowisk m.in. w Polsce, Czechach, Niemczech i na Ukrainie. Postępujące wraz ze zmianami klimatycznymi osuszanie torfowisk wysokich, będących naturalnym siedliskiem tego gatunku, stwarza poważne ryzyko jego wyginięcia.

Głównym celem mojej pracy doktorskiej było poznanie zmienności genetycznej sosny błotnej oraz procesów historycznych kształtujących strukturę populacji, co ma szczególnie istotne znaczenie w kontekście opracowania skutecznych strategii ochrony zasobów genowych tego gatunku. Kolejnym ważnym aspektem pracy było ustalenie pozycji taksonomicznej *P. uliginosa* w odniesieniu do innych blisko spokrewnionych gatunków sosen, zwłaszcza w kontekście testowania hipotezy o potencjalnie hybrydowym pochodzeniu sosny błotnej. W pracy wykorzystałem zmienność rejonów jądrowego, plastydowego i mitochondrialnego DNA szeregu populacji sosny błotnej i zbadałem polimorfizm tych samych rejonów u innych blisko spokrewnionych taksonów referencyjnych. Analiza danych genetycznych z wykorzystaniem szeregu metod modelowania biologicznego pozwoliła na określenie: wpływu izolacji geograficznej na kształtowanie struktury populacji sosny błotnej, wpływu czynników demograficznych na poziom zmienności genetycznej tego gatunku oraz modelu specjacji w obrębie kompleksu *P. mugo*. Dodatkowo, w ramach pracy opracowano nowe markery genetyczne mitochondrialnego DNA, szczególnie użyteczne w badaniach filogeograficznych sosen. Uzyskane wyniki badań przyczyniają się do poszerzenia dotychczasowej wiedzy na temat procesów demograficznych i ewolucyjnych leżących u podstaw obserwowanej zmienności

genetycznej taksonów rodzaju *Pinus*, stanowiąc jednocześnie podstawę opracowania strategii gospodarowania ich istniejącymi zasobami genetycznymi w obliczu zmian środowiskowych.