

Streszczenie

Wśród roślin niemodelowych ważną rolę odgrywa rodzaj *Stipa*. Wiele ostnic jest gatunkami dominującymi w zbiorowiskach roślin stepowych i/lub są wykorzystywane do klasyfikacji zbiorowisk z ich udziałem. Rodzaj ma skomplikowaną historię taksonomiczną. Dopiero niedawno, wraz z pojawieniem się technologii sekwencjonowania, stała się możliwa ponowna rewizja taksonomiczna rodzaju z wykorzystaniem technik integracyjnych. W rezultacie, *Stipa* s.s. obejmuje ponad 150 gatunków rodzimych dla Starego Świata. Generalnie, tylko kilka do kilkunastu cech morfologicznych ma konserwatywny charakter i może być wykorzystane w taksonomii tego rodzaju. Taki ograniczony zestaw danych komplikuje niestety ustalenie trwałych granic między gatunkami. W ciągu ostatnich 50 lat kilku botaników wysunęło hipotezę, że potencjalnym wyjaśnieniem mylącego przyporządkowania gatunków jest hybrydyzacja, którą cechuje się ok. 30% ostnic. W niniejszej rozprawie doktorskiej przedstawiono nowe podejście dla ustalenia granic wybranych taksonów ostnic. Podejście integracyjne, łączące genotypowanie SNP markerów z całego genomu i klasyczne dane morfometryczne, było zastosowane dla wykrycia procesów hybrydyzacji i introgresji w obrębie rodzaju *Stipa*. W pracy omówiono użyteczność zastosowania taksonomii integracyjnej do rozgraniczenia czystych gatunków i mieszańców. Co ważne, rozprawa po raz pierwszy dostarcza wielkoskalowych danych genomowych obejmujących genomy jądrowe i mitochondrialne w celu rozwiązania problemów filogenetycznych i hybrydyzacji w obrębie *Stipa*. Dodatkowo badania ustalają czas dywergencji wybranych taksonów w obrębie ostnic. Wyniki potwierdzają hipotezę, że hybrydyzacja jest ważnym mechanizmem napędzającym ewolucję ostnic. Zjawisko to komplikuje identyfikację taksonów hybrydowych w terenie przy użyciu samych cech morfologicznych. Zatem taksonomia integracyjna wydaje się być jedynym wiarygodnym sposobem identyfikacji czystych i mieszanych taksonów oraz właściwego rozwiązania problemu filogenetycznego ostnic. Ponadto w rozprawie stwierdzono, że *Stipa* może być odpowiednim rodzajem do badania zjawisk hybrydyzacji i introgresji w przyrodzie.

M. N. Dobry

Summary

Among non-model plants, the genus *Stipa* plays an important role. Many feather grass species are dominants and/or subdominants in steppe plant communities and are commonly used for their classification. Nonetheless, the genus has a sophisticated taxonomic history where synonymisation and ample confusion were commonplace. Only recently, the advent of sequencing technologies has let systematicists to reassess the genus. As a result, *Stipa* s.s. currently comprises over 150 species native to the Old World. Generally, there are only few morphological characteristics with a persistent nature. Such a limited set of data complicates establishing reliable boundaries between species. Over the last 50 years several botanists have hypothesised that a potential explanation for the misleading species assignment is hybridisation that accounts for around 30% of feather grasses. The present thesis provides a methodological framework for taxa delimitation in the genus. Specifically, an integrative approach, utilised here, combined genome-wide SNP genotyping and classical morphometric data to infer hybridisation and introgression processes within *Stipa*. The work discusses the usefulness of applying integrative taxonomy to delimiting pure and admixed taxa in face of extensive hybridisation. Importantly, the dissertation for the first time provides a large-scale genomic data comprising the first nuclear and mitochondrial genomes for resolving phylogenetic and hybridisation issues within *Stipa*. Additionally, the research establishes divergence time for a selected number of taxa within feather grasses. The results support the hypothesis that hybridisation is an important mechanism driving evolution in *Stipa*. As an outcome, this phenomenon complicates identification of hybrid taxa in the field using morphological characters alone. Thus, integrative taxonomy seems to be the only reliable way to identify pure and admixed taxa and to properly resolve the phylogenetic issue of *Stipa*. Moreover, the thesis claims that *Stipa* may be a suitable genus to study hybridisation and introgression phenomena in nature.

M. Nohy

