



KRYTYCZNE STUDIA TAKSONOMICZNE NAD *ELYMUS REPENS* (L.) GOULD

Magdalena Szczepaniak

*Instytut Botaniki Polskiej Akademii Nauk im. W. Szafera w Krakowie, Zakład Systematyki
Roślin Naczyniowych*

Wstęp

Elymus repens (L.) Gould [= *Agropyron repens* (L.) P. Beauv.] – perz właściwy – jest pospolitym i bardzo uciążliwym chwastem, dobrze znanym rolnikom i działkowiczom. Badany gatunek jest włączany do krytycznego kompleksu traw *Agropyron-Elymus*, należącego do plemienia *Triticeae* [6].

Podział taksonomiczny w obrębie plemienia *Triticeae* Dumort. jest skomplikowany i problematyczny przede wszystkim ze względu na brak wyraźnych różnic morfologicznych pomiędzy rodzajami, a także na istnienie intensywnych procesów hybrydyzacji międzyrodzajowej i międzygatunkowej. Z tego powodu różni autorzy stosowali różną systematykę tego plemienia. Wśród proponowanych klasyfikacji *Triticeae*, Stebbins [10] i Löve [4] przedstawili skrajnie przeciwne rozwiązania tego problemu. Stebbins stworzył jeden duży rodzaj, do którego włączył wszystkie znane gatunki, natomiast Löve rozdzielił plemię na 39 rodzajów. Dyskusja na temat systematyki *Triticeae* jest kontynuowana i generalnie przyjmowany jest podział plemienia na kilka rodzajów, z uwzględnieniem różnego rodzaju cech: morfologicznych, anatomicznych, cytologicznych oraz genetycznych [15].

W różnych ujęciach taksonomicznych *Elymus repens* zaliczany był do rodzajów: *Triticum* L., *Agropyron* Gaertn., *Elytrigia* Desv. oraz *Elymus* L. [1, 5].

Elymus repens charakteryzuje się bardzo dużą zmiennością cech morfologicznych [6, 7]. W związku z tym różnie jest stosowana jego systematyka wewnątrzgatunkowa. Wyróżnia się przeważnie podgatunki i odmiany [1, 4, 5] lub też nie wydziela się jednostek wewnątrzgatunkowych [3, 7].

W związku z rozbieżnościami w taksonomicznym ujęciu poziomu zmienności wewnątrzgatunkowej, celem niniejszej pracy była szczegółowa rewizja systematyczna *Elymus repens* w Polsce, dokonana głównie na podstawie analizy zmienności morfologicznej. Wyniki analizy zmienności genetycznej, przeprowadzonej za pomocą metody Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP), zostały zamieszczone w odrębnej pracy [13],

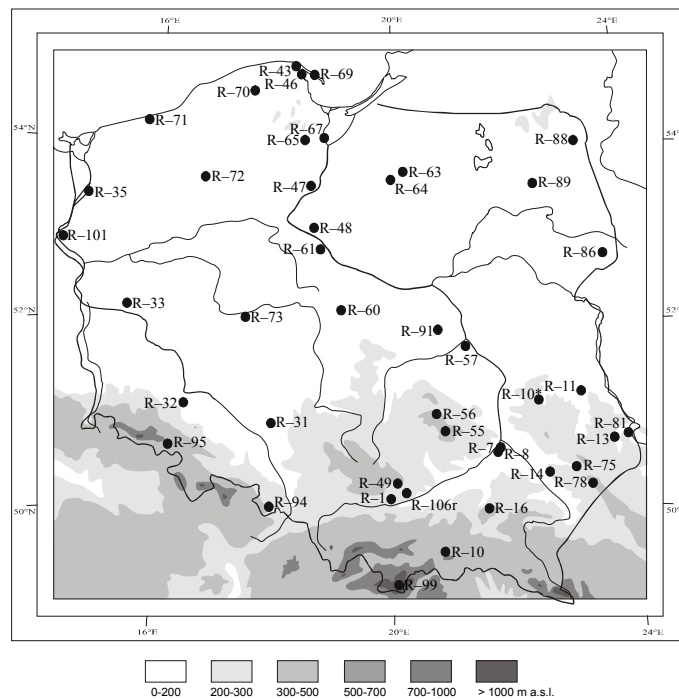
jednocześnie uwzględniono je w dyskusji i wnioskowaniu dotyczącym poziomu i charakteru zmienności morfologicznej perzu właściwego.

Material i metody

Material do badań zróżnicowania morfologicznego *Elymus repens* został zebrany w latach 1996–2000 z obszaru całej Polski z 44 stanowisk (rys. 1). Próby zebrano ze zróżnicowanych ekologicznie siedlisk, począwszy od miejsc wilgotnych nad rzekami, poprzez skraje lasów sosnowych i mieszanych, wydmy nadmorskie aż po siedliska ruderalne. Zbioru dokonywano w pełni sezonu wegetacyjnego od początku lipca do końca sierpnia, co zapewniało w pełni rozwinięte źdźbła i kłosa.

Perz właściwy rozmnaża się intensywnie za pomocą kłaczy, które czasem mogą na przestrzeni kilku kilometrów podziemie opanować dane siedlisko. Podczas zbioru prób populacji, za umowny okaz, spełniający określoną rolę ekologiczną w populacji i środowisku, uznawano każdy przestrzennie ograniczony pęd nadziemny, posiadający samodzielny system korzeniowy, nawet jeśli wykazywał on związek z innymi pędami poprzez organy podziemne.

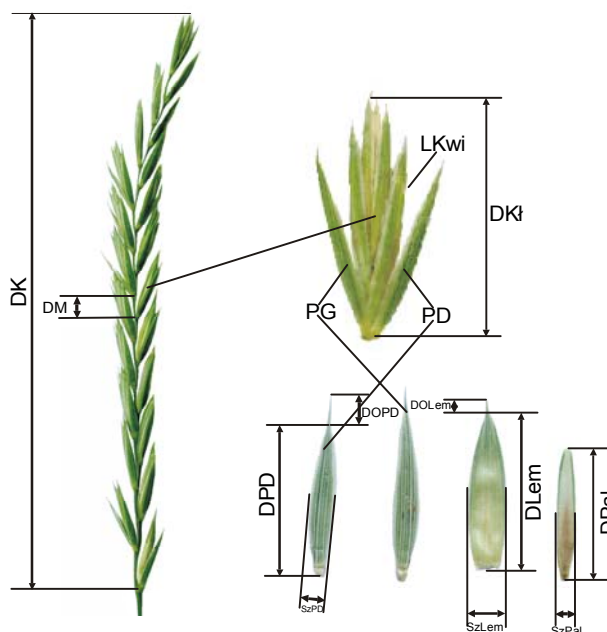
Na każdym stanowisku zebrano losowo po 25–30 pędów generatywnych, w odległości co najmniej 5–6 m, w celu zminimalizowania prawdopodobieństwa zebrania ramet pochodzących z tego samego kłacza (tej samej genety), a więc nieróżniących się genetycznie.



Rys. 1. Rozmieszczenie stanowisk badanych prób populacji *Elymus repens* (L.) Gould.

Każdy okaz z populacji lokalnej został szczegółowo scharakteryzowany na podstawie 41 cech ilościowych i 20 jakościowych (szczegółowo opisanych w pracy Szczepaniak [12]). Badane cechy zostały wybrane na podstawie kluczy do oznaczania roślin, oryginalnych prac dotyczących badanych gatunków oraz własnych obserwacji w terenie, w kulturach eksperymentalnych i materiałów zielnikowych. Mierzone i oceniane cechy dotyczyły budowy części wegetatywnych i generatywnych poszczególnych okazów. Sposób wykonania pomiarów cech kłosa i kłoska przedstawiono na rysunku 2. Do analizy włączono rośliny w pełni rozwinięte i niezniszczone. Okazy z 44 prób populacji *Elymus repens* zostały przeanalizowane biometrycznie pod kątem powyższych cech makromorfologicznych i były następnie przedmiotem analiz statystycznych. Ogółem zmierzono i oceniono 1181 okazów *E. repens*.

Pomiar długości kłosa wykonywany był przy użyciu linijki z dokładnością do 0,5 mm, natomiast kłoski, kwiatki plewy i plewki mierzone przy użyciu mikroskopu binokularnego firmy Nikon, z dokładnością do 0,01 mm.



Rys. 2. Sposób wykonywania pomiarów cech morfologicznych budowy kłosa i kłoska okazów *Elymus repens*, z dokładnością do 0,01 mm. Skróty cech: DK – długość kłosa, DM – długość międzywęzła, DKl – długość kłoska, LKwi – liczba kwiatków w kłosku, PG – plewa górna, PD – plewa dolna, DPD – długość plewy dolnej, SzPD – szerokość plewy dolnej, DPD/SzPD – długość plewy dolnej/szerokości plewy dolnej (kształt), DOPD – długość ości plewy dolnej, DLem – długość plewki dolnej, SzLem – szerokość plewki dolnej, DOLEM – długość ości plewki dolnej, DPal – długość plewki górnej, SzPal – szerokość plewki górnej.

Analiza statystyczna danych morfologicznych

Zgodnie z założeniami taksonomii numerycznej [8] punktem wyjścia do stworzenia klasyfikacji w obrębie badanego gatunku był zbiór dużej liczby cech morfologicznych, bez ich wstępnego wartościowania i wyróżniania „lepszych” i „gorszych” cech [12]. Następnie, w celu stworzenia końcowego, praktycznego podziału taksonomicznego, zastosowano metody analizy statystycznej. Na podstawie uzyskanych wyników pewne cechy, odpowiednie dla różnych poziomów analizowanej zmienności, zostały wyłączone z analiz, posłużyły jednak do szczegółowego opisu poszczególnych taksonów [12]. Każdy okaz z populacji stanowił roboczą jednostkę taksonomiczną (*Operational Taxonomic Unit* – OTU) [8].

Po sprawdzeniu rozkładów poszczególnych cech morfologicznych (zmiennych), okazało się, że w większości przypadków są one mniej lub bardziej zgodne z rozkładem normalnym lub log-normalnym, co potwierdziły testy Shapiro-Wilka. Cechy odbiegające od rozkładu normalnego transformowano logarytmicznie w celu spełnienia założeń zastosowanych następnie analiz wielowymiarowych [8].

Nie uśredniano wartości cech w obrębie poszczególnych prób ze względu na częste zróżnicowanie wewnątrzpopulacyjne niektórych z nich, natomiast wszystkie wartości cech poddano standaryzacji (średnia cechy standaryzowanej jest równa 0, a odchylenie 1). Standaryzacja pozwala na przekształcenie zmiennej mianowanej w zmienną niemianowaną i dzięki niej różne cechy mogą być ze sobą porównywane.

Analizę składowych głównych (*Principal Component Analysis* – PCA) przeprowadzono wstępnie dla wszystkich cech ilościowych i oparto na macierzy korelacji tych cech [8]. Metoda ta została zastosowana w celu stwierdzenia związków wewnątrzgatunkowych *E. repens*, wzajemnego uporządkowania populacji oraz redukcji dużej liczby wyjściowych cech (zmiennych). Na podstawie PCA wybrano cechy, które były wysoko skorelowane z pierwszymi trzema głównymi składowymi ($r \geq 0,60$). Cechy te najbardziej różnicowały poszczególne taksony i najlepiej wyjaśniały istniejącą zmienność, niezależnie od klasyfikacji taksonomicznej. Zastosowano rotację czynników *varimax*, aby otrzymać najprostszą i czytelną strukturę czynników.

W PCA próby populacji *E. repens* zostały pogrupowane bez żadnych wstępnych założeń (*a priori*). Natomiast za pomocą jednoczynnikowej analizy wariancji (*one-way Analysis of Variance* – one-way ANOVA) testowano hipotezę zerową, że różnice pomiędzy średnimi dla wybranych cech w analizie składowych głównych są statystycznie istotne pomiędzy taksonomicznymi jednostkami wewnątrzgatunkowymi [9]. Poziom istotności zmierzono testem najmniejszych istotnych różnic (NIR) oraz testem Tukeya.

Cechy ilościowe, które istotnie różniły morfotypy *E. repens*, zostały w następnym etapie analizy statystycznej wprowadzone do kanonicznej analizy dyskryminacyjnej (*Canonical Discriminant Analysis* – CDA) [8]. CDA (z użyciem procedury postępującej krokowej) przeprowadzono dla poszczególnych okazów jako OTUs, w celu sprawdzenia mocy dyskryminacyjnej i przydatności taksonomicznej zbioru cech wybranych w poprzednich analizach oraz do odróżniania predefiniowanych grup (jednostek wewnątrzgatunkowych). Rozrzut w układzie kanonicznych funkcji dyskryminacyjnych oparty jest na



maksymalizowaniu zmienności międzygrupowej do zmienności wewnątrzgrupowej i oparty jest na statystyce F (Fishera-Snedecora). Oprócz uporządkowania również użyto analizy dyskryminacyjnej jako metody klasyfikującej, pozwalającej ocenić procent poprawnych klasyfikacji indywidualnych okazów do wyróżnionych taksonów.

Analizy numeryczne cech biometrycznych wykonano przy użyciu programu *STATISTICA* wersja 5.1 PL.

Wyniki

Analiza składowych głównych

Wyniki PCA pozwoliły na wyodrębnienie 11 cech z całego zbioru danych biometrycznych, umożliwiających wyróżnienie trzech grup populacji (morfotypów) *Elymus repens*, oraz określenie wzajemnych relacji (podobieństw bądź różnic) pomiędzy nimi.

11 wyróżnionych generatywnych cech morfologicznych budowy źdźbła: DK, DM, DKł, LKwi, DPD, SzPD, DPD/SzPD, DOPD, DLem, DO Lem i DPal było wysoko skorelowanych z trzema czynnikami, z których pierwszy wyjaśniał 46,93%, drugi – 16,29%, a trzeci – 14,40% całkowitej wariancji cech (łącznie – 77,62%; tab. 1).

Tabela 1. Wyniki analizy składowych głównych (PCA) dla okazów *Elymus repens* – wyjaśniana wariancja oraz ładunki czynnikowe dla 11 cech i 3 czynników. Pogrubioną czcionką zaznaczono wartości korelacji cech z czynnikami o $r \geq 0,60$. Skrótów cech patrz rys. 2.

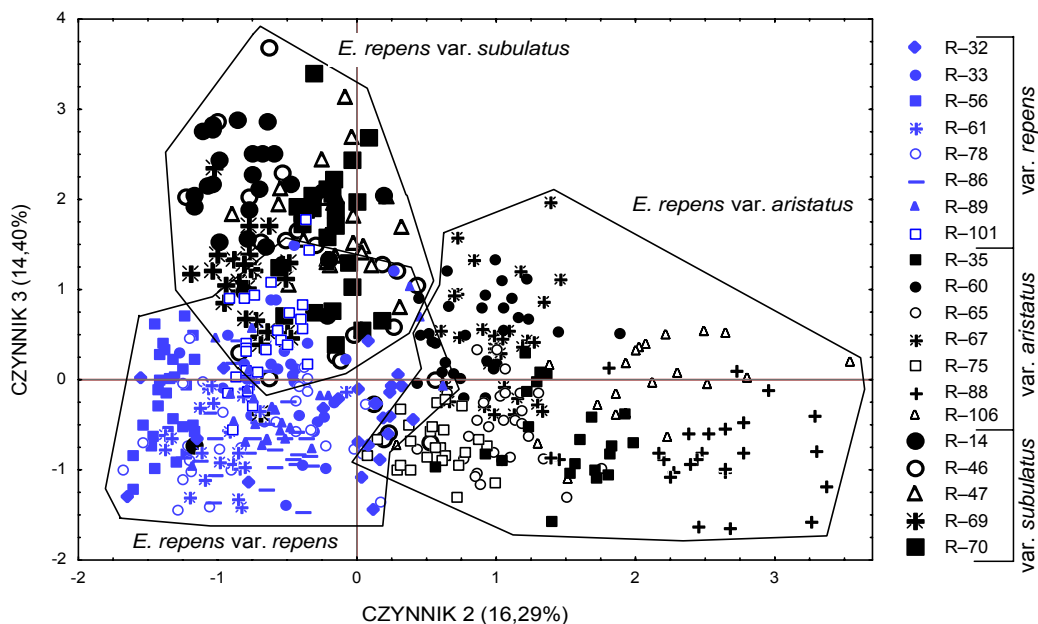
	Czynnik 1	Czynnik 2	Czynnik 3
Wyjaśniana wariancja (%)	46,93	16,29	14,40
Cechy	Ładunki czynnikowe		
DK	0,76	-0,06	0,01
DM	0,74	0,13	0,01
DKł	0,89	0,08	-0,12
LKwi	0,74	0,04	-0,34
DPD	0,88	-0,16	0,10
SzPD	0,47	-0,09	-0,81
DPD/SzPD	0,42	-0,08	0,88
DOPD	0,10	0,92	0,05
DLem	0,90	0,08	0,09
DO Lem	-0,01	0,93	-0,06
DPal	0,84	0,08	0,04

Na diagramie rozrzutu okazów *Elymus repens*, z 20 wybranych prób populacji (w ten sposób, by reprezentowały wszystkie wyróżniające się morfotypy), w układzie trzech pierwszych czynników (rys. 3) nie wyróżniają się wyraźnie oddzielone grupy. Jednak

analiza położenia poszczególnych prób populacji i okazów wykazała pewien trend określony przez cechy związane z poszczególnymi czynnikami.

Z czynnikiem 2 związana jest cecha długości ości na plewach (DOPD) i plewkach dolnych (DOLeM), które to cechy wyodrębniają okazy bezostne i ościste oraz wszystkie okazy pośrednie pomiędzy nimi (tab. 1; rys. 3). Zarówno okazy ościste, jak i bezostne są znacznie zróżnicowane pod względem cech wielkości skorelowanych z czynnikiem 1 (tab. 1).

Czynnik 3 był istotnie związany z dwoma cechami (DPD/SzPD i SzPD) (tab. 1) i pozwolił na wyodrębnienie grupy okazów o wąskich, wydłużonych plewach („szydlastych”), bezostnych lub krótkościstych (populacje R-14, R-46, R-47, R-69 i R-70 (rys. 3)).



Rys. 3. Analiza składowych głównych (PCA) – diagram rozrzutu okazów z 20 wybranych prób populacji *Elymus repens* (L.) Gould względem czynnika 2 i 3. W celu uzyskania przejrzystości wykresu przedstawiono rozrzut okazów z wybranych populacji tak, aby reprezentowane były wszystkie typy morfologiczne (odmiany) występujące w granicach zakresu zmienności *E. repens*. Poszczególne próby zaznaczono odrębnymi symbolami graficznymi znajdującymi się w legendzie. Rozmieszczenie zbioru prób populacji na rys. 1.

Podsumowując, można stwierdzić, że w PCA wyróżniają się trzy grupy morfotypów w obrębie *Elymus repens*: bezostny lub krótkościsty, długościsty oraz morfotyp o szydlastych plewach, które jednak tworzą continuum zmienności. Poprawność wyróżnienia tych grup była analizowana w dalszej części pracy za pomocą odpowiednich metod statystycznych.

Jednoczynnikowa analiza wariancji

Istotność różnic pomiędzy średnimi cech wyróżnionych w PCA analizowano przy pomocy jednoczynnikowej analizy wariancji. W przypadku 10 z 11 cech hipoteza zerowa, mówiąca o braku różnic pomiędzy ich średnimi, została odrzucona, a zatem trzy grupy różniły się istotnie pod względem tych cech. Wartości statystyki F dla poszczególnych cech były znacznie wyższe niż krytyczne F ($F_{0,05;2;\infty} = 4,60$; tab. 2). Wyróżnione trzy morfotypy nie różniły się istotnie tylko pod względem jednej cechy: ilości kwiatków w kłosku środkowym (LKwi).

Tabela 2. Wyniki jednoczynnikowej analizy wariancji przeprowadzonej dla prób populacji *Elymus repens*; wartość F dla 3 grup ($df = 2$) i 1181 okazów ($df = 1178$). Różnice istotne z $p < 0,05$ zaznaczono *.

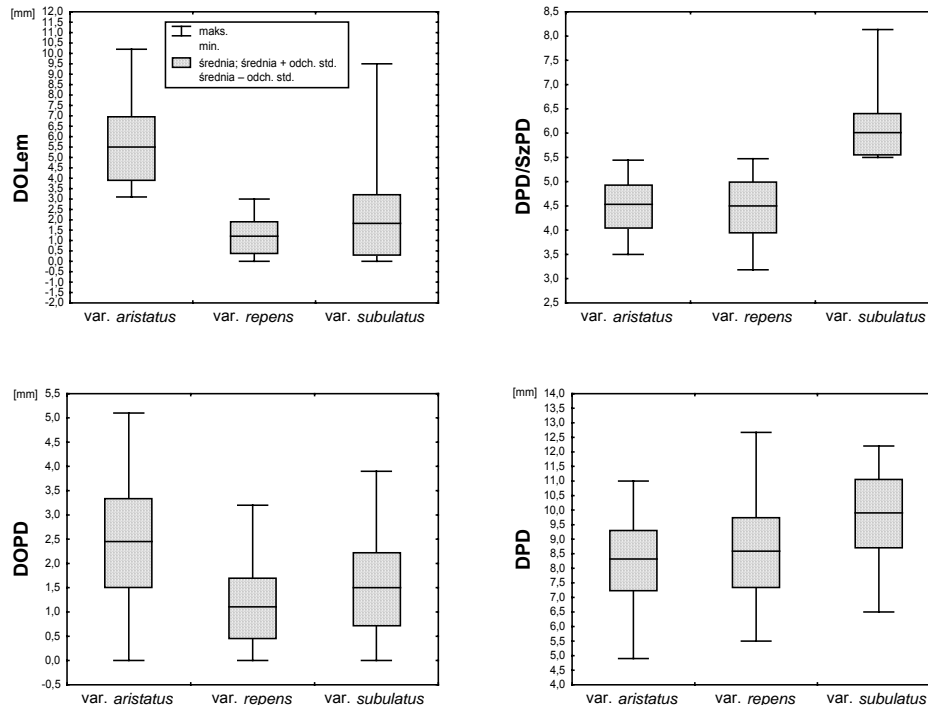
Cechy	F	F _{0,05}
DOLem	1 601,79 *	4,60
DPD/SzPD	698,29 *	4,60
DOPD	375,30 *	4,60
DPD	120,09 *	4,60
DLem	84,18 *	4,60
SzPD	77,58 *	4,60
DPal	52,27 *	4,60
DK	20,81 *	4,60
DKł	19,60 *	4,60
DM	15,56 *	4,60
LKwi	1,03	4,60

Na podstawie uzyskanych wyników nie stwierdzono wyraźnych nieciągłości w badanym zbiorze populacji, dlatego też odróżniającym się grupom okazów przypisano rangę odmian (*varietas*).

Wyróżniono trzy odmiany w obrębie *Elymus repens*: *E. repens* (L.) Gould var. *repens*, *E. repens* var. *aristatus* (Schreb. ex Baumg.) Melderis & D.C. McClint. oraz *E. repens* var. *subulatus* (Roem. & Schult.) Szczepaniak, comb. nova.

Elymus repens w odmianie typowej ma bezostne, ostro zakończone plewy, albo z ością o długości co najwyżej 1,5 mm. Pod względem tej cechy (DOPD) var. *repens* jest podobna do var. *subulatus*, która jednak ma większy jej zakres (rys. 4). Okazy należące do *E. repens* var. *aristatus* można od pozostałych odmian odróżnić na podstawie długości ości na plewce dolnej (DOLem) – zakresy zmienności tej cechy wykluczają się w wartościach średniej i odchylenia standardowego dla poszczególnych odmian (rys. 4). Natomiast *E. repens* var. *subulatus* charakteryzuje się długimi oraz wąskimi plewami, o charakterystycznym „szydlastym” kształcie (DPD/SzPD) i wąskim błoniastym brzegu (rys. 4).

Zakres zmienności tej cechy dla *E. repens* var. *subulatus* nie wchodzi w granice wartości średniej oraz odchylenia standardowego dla pozostałych odmian. Pozostałe, wyróżnione w analizie wariancji cechy w mniejszym stopniu rozróżniają poszczególne odmiany. Można jedynie zwrócić uwagę na fakt, że *E. repens* var. *aristatus* ma generalnie dłuższe ości na plewach (DOPD), a *E. repens* var. *subulatus* zwykle dłuższe plewy (DPD) i w związku z tym dłuższe plewki (rys. 4).



Rys. 4. Średnie arytmetyczne, odchylenia standardowe, minimum i maksimum dla 4 cech (DOLem, DPD/SzPD, DOPD, DPD) najlepiej odróżniających odmiany *Elymus repens* – var. *aristatus*, var. *repens* i var. *subulatus*. Skróty cech patrz rys. 2.

Kanoniczna analiza dyskryminacyjna

Przeprowadzona kanoniczna analiza dyskryminacyjna (procedura krokowa) potwierdziła wybór 10 (z 11) cech ilościowych na podstawie PCA, które umożliwiają rozróżnienie odmian *Elymus repens* (tab. 3).

Tabela 3. Wyniki kanonicznej analizy dyskryminacyjnej (CDA) dla okazów *Elymus repens* jako OTUs; wartości mocy dyskryminacyjnej dla 10 wybranych cech ilościowych odróżniających odmiany, $p < 0,05$. Skróty cech patrz rys. 2.

Cechy	lambda Wilksa	Cząstkowa lambda Wilksa
DOLeM	0,39	0,26
DPD/SzPD	0,12	0,83
SzPD	0,11	0,92
DPD	0,11	0,92
DK	0,11	0,96
DM	0,10	0,98
DKł	0,10	0,99
DPal	0,10	0,99
DLem	0,10	0,99
LKwi	0,10	1,00

Długość ości na plewie dolnej (DOPD) została na podstawie założeń wyłączona z analizy dyskryminacyjnej, jako cecha niewyróżniająca odmian *Elymus repens*.

Wartości cząstkowej *lambdy* Wilksa wskazują, że cechami najlepiej dyskryminującymi odmiany są: długość ości na plewce dolnej (DOLeM) oraz stosunek długości plewy dolnej do jej szerokości (DPD/SzPD) (tab. 3). Pozostałe cechy (oprócz LKwi) w mniejszym stopniu rozróżniają odmiany, ale są istotne statystycznie¹.

Uzupełniając wyniki otrzymane w analizie wariancji, można stwierdzić, że liczba kwiatków w kłosku środkowym (LKwi) oraz długość ości na plewach (DOPD) nie różnią się istotnie u badanych odmian *Elymus repens*.

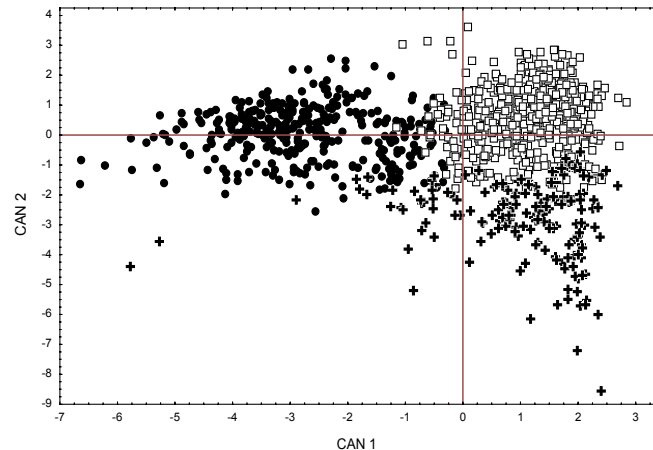
Wartości współczynników struktury kanonicznej (tab. 4) wskazują, że z pierwszą kanoniczną funkcją dyskryminacyjną związana jest długość ości na plewce dolnej (DOLeM), która wyraźnie wyodrębnia *Elymus repens* var. *aristatus* od *E. r.* var. *repens* i *E. r.* var. *subulatus* (rys. 5). Z drugą funkcją dyskryminacyjną wysoko, ujemnie skorelowany jest kształt plew (DPD/SzPD), który wyodrębnia *E. repens* var. *subulatus*. Wymienione cechy są również wysoko skorelowane z czynnikami w PCA oraz posiadają wysokie wartości statystyki *F*. Pozostałe cechy są słabiej skorelowane z funkcjami dyskryminacyjnymi, można je jednak traktować pomocniczo przy opisie *E. repens* var. *subulatus*, która charakteryzuje się długimi i wąskimi plewami oraz długimi plewkami.

Dwie pierwsze funkcje dyskryminacyjne wyjaśniają 100% zmienności w badanym materiale populacyjnym.

¹ Wartości cząstkowej *lambdy* Wilksa mieszczą się w zakresie od 1,0 (zmienna nie ma żadnej mocy dyskryminacyjnej) do 0,0 (zmienna całkowicie dyskryminuje dany model).

Tabela 4. Wyniki kanonicznej analizy dyskryminacyjnej (CDA) dla okazów *Elymus repens* jako OTUs; współczynniki struktury czynnikowej, reprezentujące korelacje pomiędzy cechami morfologicznymi a pierwszymi dwoma kanonicznymi funkcjami dyskryminacyjnymi (CAN 1 – CAN 2). Skróty cech patrz rys. 2.

Kanoniczna funkcja dyskryminacyjna	CAN 1	CAN 2
Cechy		
DK	-0,03	-0,15
DM	0,00	-0,14
DKł	-0,04	-0,14
LKwi	-0,02	0,01
DPD	-0,12	-0,34
SzPD	-0,03	0,31
DPD/SzPD	-0,13	-0,90
DOPD	0,44	-0,12
DLem	-0,04	-0,32
DO Lem	0,93	-0,11
DPal	-0,05	-0,24



Rys. 5. Kanoniczna analiza dyskryminacyjna (CDA) – diagram rozrzutu 1181 okazów *Elymus repens* (L.) Gould jako OTUs względem funkcji dyskryminacyjnych (CAN 1 – CAN 2); □ - *E. repens* var. *repens*, ● - *E. repens* var. *aristatus*, + - *E. repens* var. *subulatus*.

Na podstawie wybranych wcześniej cech utworzono w analizie dyskryminacyjnej tzw. macierz klasyfikacji, która opisuje rzeczywistą klasyfikację okazów do wyróżnionych odmian (tab. 5). Stwierdzono, że poszczególne odmiany były w dużym procencie poprawnie klasyfikowane – w grupie *Elymus repens* var. *repens* 616 okazów (co stanowi 94,04%) zostało poprawnie oznaczonych, zaś 36 zaliczono błędnie do *E. r.* var. *subulatus*, a 3 do *E. r.* var.

aristatus. Podobnie w przypadku *E. r. var. subulatus*, 161 okazów zaliczono poprawnie (93,06%), a błędnie 7 włączono do *E. r. var. aristatus* i 5 do *E. r. var. repens*. Natomiast 328 okazów (92,92%) *E. r. var. aristatus* było poprawnie zaliczonych, pozostałe zaklasyfikowano do *E. r. var. repens* (19 okazów) oraz do *E. r. var. subulatus* (6 okazów).

Tabela 5. Wyniki kanonicznej analizy dyskryminacyjnej (CDA); macierz klasyfikacji okazów do poszczególnych odmian *Elymus repens*.

Odmiana	Klasyfikacja okazów (liczba okazów / % poprawnych klasyfikacji do danej odmiany)		
	<i>E. repens</i> <i>var. repens</i>	<i>E. repens</i> <i>var. aristatus</i>	<i>E. repens</i> <i>var. subulatus</i>
<i>E. repens</i> <i>var. repens</i>	616 / 94,04	3 / 0,46	36 / 5,50
<i>E. repens</i> <i>var. aristatus</i>	19 / 5,38	328 / 92,92	6 / 1,70
<i>E. repens</i> <i>var. subulatus</i>	5 / 2,89	7 / 4,05	161 / 93,06

Podobieństwo wyników uzyskanych w CDA i PCA potwierdza wybór cech diagnostycznych dla wydzielonych odmian *Elymus repens* (rys. 4, 5). Wysoki procent poprawnych oznaczeń również wskazuje, że poszczególne odmiany są odróżnialne i dobrze opisywane za pomocą wybranych cech morfologicznych (tab. 5). Okazy błędnie klasyfikowane potwierdzają dużą zmienność *E. repens* i brak wyraźnych nieciągłości pomiędzy zaobserwowanymi morfotypami.

Dyskusja

Elymus repens jest gatunkiem bardzo polimorficznym, przede wszystkim w wyniku szerokiego rozmieszczenia prawie na całej kuli ziemskiej. Melderis we *Flora Europaea* [5] w obrębie *Elymus repens* (L.) Gould wyróżnił 5 podgatunków, z których tylko *E. repens* subsp. *repens* występuje w Polsce. Pozostałe podgatunki występują w Europie południowej, na Ukrainie, w Rosji i dalej na wschód sięgają do Azji.

Conert [1] w dziele „Ilustrierte Flora von Mitteleuropa”, oprócz podgatunku typowego, podaje również występowanie *Elymus repens* subsp. *littoreus* (F. C. Schumacher) Conert w Europie, na wybrzeżu Morza Śródziemnego oraz Bałtyku.

W czasie przeprowadzonych badań biometrycznych stwierdzono wysoki poziom między- i wewnątrzpopulacyjnej zmienności *Elymus repens*, wykazany za pomocą jedno- i wielowymiarowych analiz statystycznych. Stwierdzono, że zmienność morfologiczna *E. repens* ma charakter ciągły, skrajne morfotypy są dobrze odróżnialne, jednak pomiędzy nimi istnieje cała gama przejść, tworzących continuum zróżnicowania. Według Prokudina [7] *E. repens* jest taksonem młodym ewolucyjnie, tworzącym złożony kompleks, w obrębie którego ciągle przebiegają procesy mikroewolucyjne, i w związku z tym wyróżniane jednostki wewnątrzgatunkowe nie mają znaczenia taksonomicznego. Jednak ze względów

praktycznych wyróżnienie odmian na podstawie najbardziej odróżniających cech: długości ości na plewach i plewkach dolnych oraz kształtu plew, wydaje się być uzasadnione, co potwierdzono w analizie dyskryminacyjnej wysokim procentem poprawnych klasyfikacji okazów do poszczególnych morfotypów.

Rezultaty uzyskane za pomocą AFLP odzwierciedlają niski poziom wewnątrzgatunkowej zmienności genetycznej *Elymus repens* [13]. Świadczy o tym także niska proporcja wyróżnialnych genot (średnia G/N dla *E. repens* wynosi 0,29 zakres: 0,10–0,50 [13]), a w szczególności także niski poziom zróżnicowania genetycznego (D : dla *E. repens* średnia wynosi 0,32 (0,00–0,78) [13]). Stwierdzono, że populacje *E. repens* składają się z jednego lub najwyżej kilku genotypów i różnią się znacznie między sobą. Nowe populacje są zakładane przez niewielką ilość nasion bądź fragmentów kłączy, które następnie rozmnażają się głównie wegetatywnie.

Analiza wariancji molekularnej (AMOVA) wykazała, że pomiędzy morfologicznymi odmianami *Elymus repens* nie ma istotnych różnic genetycznych [13]. Również wyniki testu Mantela wykazały brak istotnej korelacji pomiędzy morfotypami a strukturą genetyczną ($r = -0,58$, $P > 0,13$). Te wyniki oraz niski poziom zróżnicowania AFLP mogą wskazywać, że przyczyną wyraźnego morfologicznego polimorfizmu jest plastyczność gatunku [3, 14]. *E. repens* tworzy ekokliny (ekotypy fizjologiczne) i wykazuje zmienność wzdłuż gradientu ekologicznego. Wykazano, że siedliska jego występowania w sposób ciągły przechodzą jedne w drugie, a lokalne populacje przystosowują się genetycznie do różnych warunków, co nie jest jednak skorelowane z określonym morfotypem [12].

Uzyskane wyniki zgadzają się z wcześniejszymi pracami dotyczącymi *Elymus repens*, w których wykazano, że plastyczność tego taksonu daje mu ogromne możliwości adaptacyjne do zmieniających się i nieprzewidywalnych czynników siedliskowych [14]. Gatunki o szerokiej amplitudzie ekologicznej tworzą mozaikę wielu cech osobniczych (morfologicznych oraz fizjologicznych), a także różnią się sposobem reprodukcji [7]. Naturalna selekcja może faworyzować bardziej plastyczne genotypy, które łatwo przystosowują się do zmian w środowisku [14]. U *E. repens* zdolność do ekspresji genotypu w postaci różnych fenotypów jest znacznie większa niż zróżnicowanie genetyczne. Taki wzór zmienności jest charakterystyczny również dla innych gatunków obcopolnych o szerokim zasięgu występowania [7].

Zróżnicowanie morfologiczne może być również skutkiem mutacji somatycznych zachodzących w rametach jednej genety, co również potwierdza dużą mobilność genomu *Elymus repens* [3]. U gatunków klonalnych często obserwuje się ograniczenie rozmnażania płciowego, a zróżnicowanie genetyczne spowodowane jest nagromadzeniem mutacji somaklonalnych w przeciągu wieloletniego życia poszczególnych genot. Ramety są bardzo ściśle genetycznie do siebie podobne, ale nie muszą być identyczne. AFLP jest wysoce powtarzalną techniką do wykrywania polimorfizmów, nawet u blisko spokrewnionych taksonów. Jest to odpowiednia metoda do identyfikacji różnych genotypów, jednak nie jest dosyć czuła dla wykrycia mutacji somatycznych pomiędzy indywiduami pochodzącymi z jednej genety. Zastosowanie markerów mikrosatelitarnych prawdopodobnie będzie bardziej użyteczne do dokładniejszej oceny poziomu zróżnicowania genetycznego *E. repens*, co zostało potwierdzone w badaniach nad innymi gatunkami rodzaju *Elymus* [11].



Szczegółowa analiza morfologiczna jest niezbędna do oceny istotności poziomu zmienności w trudnych kompleksach gatunków, jakim niewątpliwie jest *Elymus repens*. Wielowymiarowe analizy statystyczne (np. PCA, ANOVA, CDA) są stosowane do określenia, czy zmienność ma charakter ciągły czy też nie. Odkrycie mniej lub bardziej ciągłej i przypadkowej zmienności cech morfologicznych pomiędzy spokrewnionymi gatunkami jest prawdopodobnie częstym wzorem w naturze, ponieważ fenotypowa ekspresja takich cech jest zwykle warunkowana wieloma genami [2]. Cechy, które przypadkowo zmieniają się w obrębie taksonu, ukrywają informację dostarczaną przez taksonomicznie istotne cechy. Zastosowanie jednocześnie szczegółowej analizy molekularnej i morfologicznej jest użytecznym narzędziem do rozwikłania problemów taksonomii wewnątrzgatunkowej. Gdy interpretuje się wspólnie te dwa rodzaje danych, niektóre problemy tradycyjnej morfometrii mogą zostać ominięte, np. takie jak kryteria wyboru odpowiedniej ilości cech. Znany jest również genetyczny składnik zmienności morfologicznej obserwowanej w naturze. W przypadku *Elymus repens* okazało się, że wspólne analizy biometryczne i genetyczne pozwoliły na wyjaśnienie podstaw i charakteru różnego rodzaju zmienności między- i wewnątrzgatunkowej.

Wnioski

- ◆ Na podstawie zmienności cech morfologicznych (głównie), a także zmienności genetycznej oraz w oparciu o światowe trendy w systematyce i nomenklaturze kompleksu *Agropyron-Elymus* przedstawiono nową dla Polski systematykę *Elymus repens*:
Elymus repens (L.) Gould
var. *repens*
var. *aristatus* (Schreb. ex Baumg.) Melderis & D.C. McClint.
var. *subulatus* (Roem. & Schult.) Szczepaniak, comb. Nova.
- ◆ Zmienność morfologiczna *Elymus repens* ma charakter ciągły, można jednak wyodrębnić morfotypy, którym nadano rangę odmian. Cechami istotnie odróżniającymi odmiany *E. repens* są:
 - długość ości na plewkach dolnych
 - kształt plew
- ◆ Występowanie odmian *Elymus repens* na terenie Polski nie jest skorelowane z określonym typem siedliska ani też z położeniem geograficznym.
- ◆ Wykazano, że *Elymus repens* charakteryzuje się znacznie wyższym polimorfizmem morfologicznym niż zróżnicowaniem genetycznym, co może być spowodowane młodością ewolucyjną gatunku i zachodzącymi w nim procesami mikroewolucyjnymi. Odmierna ekspresja tego samego składu genomowego w różnych warunkach może być przyczyną ogromnej mozaiki morfologicznej gatunku.
- ◆ Jednoczesne stosowanie różnorodnych metod, rozszerzających zakres badań klasycznej taksonomii (a zwłaszcza analizy genomu), pozwala na uzyskanie odpowiedzi na pytania dotyczące istoty różnego poziomu zmienności i ich wzajemnych powiązań.



Bibliografia (wybrane pozycje)

1. Conert, H. J. (ed.). 1998. Gustav Hegi Illustrierte Flora von Mitteleuropa. Spermatophyta: Angiospermae: Monocotyledones 1 (2), Poaceae. Band I, teil 3. Parey Buchverlag, Berlin. 928 pp.
2. Fjellheim, S., Elven, R., Brochmann, C. 2001. Molecules and morphology in concert. II. The *Festuca brachyphylla* complex (Poaceae) in Svalbard. *Amer. J. Bot.* 88(5): 869–882.
3. Kosina, R. 1995. Comments on the variation of spike morphology in selected species of *Elytrigia* and *Elymus* (Triticeae). *Acta Soc. Bot. Pol.* 64(4): 385–392.
4. Löve, Á. 1984. Conspectus of the Triticeae. *Feddes Repert.* 95(7/8): 425–521.
5. Melderis, A. 1978. Taxonomic notes on the tribe Triticeae (Gramineae), with special reference to the genera *Elymus* L. sensu lato, and *Agropyron* Gaertner sensu lato. W: V. H. Heywood (ed.), *Flora Europaea Notulae Systematicae ad Floram European spectantes* No. 20. *Bot. J. Linn. Soc.* 76(4): 369–384.
6. Mizianty, M., Frey, L., Szczepaniak, M. 2001. The *Agropyron-Elymus* complex (Poaceae) in Poland: biosystematics. W: L. Frey (ed.), *Studies on grasses in Poland*. pp. 25–77. W. Szafer Institute of Botany, Polish Academy of Sciences, Kraków.
7. Prokudin, Yu. N. 1982. Itogi kompleksnovo biosystematiceskovo izucheniya *Elytrigia repens* (Poaceae). *Bot. Žurn.* 67(2): 129–139.
8. Sneath, P. H., Sokal, R. R. 1973. *Numerical taxonomy*. W. H. Freeman, San Francisco. xv + 573 pp.
9. Sokal, R. R., Rohlf, F. J. 1981. *Biometry*. 2nd Ed. W. H. Freeman, New York. 859 pp.
10. Stebbins, G. L. 1956. Taxonomy and the evolution of genera, with special reference to the family Gramineae. *Evolution* 10: 235–245.
11. Sun, G. L., Diaz, O., Salomon, B., Bothmer, R. von. 2001. Genetic diversity and structure in a natural *Elymus caninus* population from Denmark based on microsatellite and isozyme analyses. *Pl. Syst. Evol.* 227: 235–244.
12. Szczepaniak, M. 2002. Biosystematyka *Elymus repens* (L.) Gould i *Elymus hispidus* (Opiz) Melderis w Polsce. Praca doktorska, Instytut Botaniki im. W. Szafera PAN, Kraków. ss. 181.
13. Szczepaniak, M., Cieślak, E., Bednarek, P. T. 2002. morphological and AFLP variation of *Elymus repens* (L.) Gould (Poaceae). *Cell. Mol. Biol. Letters* 7(2A): 547–558.
14. Taylor, D. R., Aarssen, L. W. 1988. An interpretation of phenotypic plasticity in *Agropyron repens* (Gramineae). *Amer. J. Bot.* 75(3): 401–413.
15. West, J. G., McIntyre, C. L., Appels, R. 1988. Evolution and systematic relationships in the Triticeae (Poaceae). *Pl. Syst. Evol.* 160 (1/2): 1–28.